

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique et Populaire
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
جامعة مصطفى اسطمبولي معسكر
Université Mustapha Stambouli de Mascara



Faculté des Sciences Exactes
Département Informatique

Thèse de Doctorat 3^{ème} cycle

Spécialité : Informatique

Intitulé

Segmentation des images médicales par des approches bio-inspirées

Présentée par : Ghazi Boumediene Ghaouti

Devant le jury :

Présidente	Medeber Meriem	MCA	Université de Mascara
Directeur de thèse	Meftah Boudjelal	Professeur	Université de Mascara
Examineur	Benyahya Kadda	MCA	Université de Saida
Examineur	Teggar Hamza	MCA	Université de Mascara
Examineur	Fekir Youcef	MCA	Université de Mascara

Année universitaire 2023-2024

Dédicace

A mon cher père

A ma chère mère

A ma chère grand-mère

A ma chère tante

A mes chers frères et sœurs

En témoignage de leur amour infini, leur soutien inconditionnel et leurs sacrifices
sans fin.

A mon directeur de thèse le professeur Meftah Boudjelal pour son expertise éclairée,
sa patience inlassable et sa guidance précieuse tout au long de ce voyage
académique. Son dévouement sans faille, ses conseils avisés et son soutien
indéfectible ont été les piliers essentiels de cette thèse. Son inspiration et sa vision ont
façonné chaque étape de ce travail de recherche. Merci pour avoir été bien plus qu'un
mentor, mais aussi un modèle de dévouement et d'excellence académique.

À mes amis, pour leur soutien inébranlable et leurs moments de joie partagés.
Et enfin, à toutes les personnes qui ont cru en moi et m'ont encouragé à poursuivre
mes rêves.

Cette thèse est dédiée à vous tous, avec une profonde gratitude et un immense
respect.

Remerciements

Je tiens tout d'abord à exprimer ma profonde gratitude à Madame Medeber Meriem Maitre de conférences classe A à l'université Mustapha Stambouli de Mascara pour avoir fait l'honneur de présider le jury de ma soutenance.

J'exprime tous mes remerciements à Monsieur Benyahia Kadda Maitre de conférences classe A à l'université de Saida pour avoir accepté de faire partie du jury et consacré son temps pour la lecture de la thèse et son enrichissement.

Je remercie également Messieurs Tegar Hamza et Fekir Youcef Maitres de conférences classe A à l'université Mustapha Stambouli de Mascara pour l'intérêt qu'ils ont porté à ce travail en acceptant de faire partie du jury.

Je ne manquerai pas de rendre hommage à mon directeur de thèse, Monsieur Meftah Boudjelal professeur à l'université Mustapha Stambouli de Mascara pour sa compétence scientifique, son soutien permanent et sa qualité d'encadrement dont j'ai eu l'honneur de bénéficier tout au long de ce travail de recherche.

Résumé

L'avancée des technologies d'imagerie médicale a révolutionné le domaine du diagnostic et du traitement des maladies, offrant des outils puissants et efficaces pour les professionnels de la santé. Parmi ces outils, la segmentation des images médicales joue un rôle crucial en permettant d'identifier et d'éliminer les structures anatomiques d'intérêt, facilitant ainsi la détection précoce des pathologies et la planification des traitements. Cette thèse doctorale se concentre sur l'amélioration des algorithmes de segmentation en explorant l'utilisation des techniques inspirées de la nature pour segmenter les IRM cérébrales. En s'appuyant sur les principes de l'optimisation biologique, cette recherche vise à développer des approches innovantes capables de surmonter les limites des méthodes traditionnelles et d'améliorer la précision et l'efficacité de la segmentation. Après une revue exhaustive des méthodes de diagnostic et de segmentation existantes, cette thèse propose trois approches novatrices pour améliorer la segmentation des images médicales. Les résultats expérimentaux obtenus sur des images IRM démontrent l'efficacité et la robustesse des approches proposées, en offrant une segmentation plus précise et cohérente des structures anatomiques, notamment dans le contexte du cancer cérébrale. Ces résultats soulignent le potentiel prometteur des techniques inspirées de la nature pour améliorer la qualité des soins de santé et ouvrent de nouvelles perspectives pour l'innovation dans le domaine de la radiologie médicale. En conclusion, cette thèse contribue à enrichir le domaine de la segmentation des images médicales en proposant des approches novatrices basées sur l'optimisation biologique. Ces avancées offrent des nouvelles opportunités pour améliorer la précision du diagnostic, optimiser la planification des traitements et, ultimement, améliorer les résultats cliniques pour les patients.

Mots-clés : algorithmes bio-inspiré, segmentation, clustering, tumeur cérébrale, IRM cérébrale, k-means, fuzzy c-means, algorithme de graine d'arbre, algorithmes de colonies d'abeilles artificielles

ملخص

أحدث التقدم في تقنيات التصوير الطبي ثورة في مجال تشخيص الأمراض وعلاجها، مما يوفر أدوات قوية وفعالة لمتخصصي الرعاية الصحية. ومن بين هذه الأدوات، تلعب تجزئة الصور الطبية دوراً حاسماً في تحديد الهياكل التشريحية ذات الاهتمام، مما يسهل الكشف المبكر عن الأمراض وتخطيط العلاج. تركز أطروحة الدكتوراه هذه على تحسين خوارزميات التجزئة من خلال استكشاف استخدام التقنيات المستوحاة من الطبيعة لتقسيم التصوير بالرنين المغناطيسي للدماغ. بالاعتماد على مبادئ التحسين البيولوجي، كما يهدف هذا البحث إلى تطوير أساليب مبتكرة قادرة على التغلب على قيود الأساليب التقليدية وتحسين دقة وكفاءة التجزئة. بعد مراجعة شاملة لطرق التشخيص والتجزئة الحالية، تقترح هذه الأطروحة ثلاثة أساليب مبتكرة لتحسين تجزئة الصور الطبية. وتظهر النتائج التجريبية التي تم الحصول عليها على صور التصوير بالرنين المغناطيسي فعالية ومثانة الأساليب المقترحة، من خلال تقديم تجزئة أكثر دقة وتماسكاً للهياكل التشريحية، وخاصة في سياق سرطان الدماغ. تسلط هذه النتائج الضوء على الإمكانيات الواعدة للتقنيات المستوحاة من الطبيعة لتحسين جودة الرعاية الصحية.

Summary

The advancement of medical imaging technologies has revolutionized the field of disease diagnosis and treatment, providing powerful yet complex tools for healthcare professionals. Among these tools, the segmentation of medical images plays a crucial role in identifying the anatomical structures of interest, thus facilitating the early detection of pathologies and the planning of treatments. This doctoral thesis focuses on improving segmentation algorithms by exploring the use of nature-inspired techniques to segment brain MRIs. Drawing on the principles of biological optimization, this research aims to develop innovative approaches capable of overcoming the limitations of traditional methods and improving the accuracy and efficiency of segmentation. After an exhaustive review of existing diagnostic and segmentation methods, this thesis proposes three innovative approaches to improve the segmentation of medical images. Their experimental results obtained on MRI images demonstrate the effectiveness and robustness of the proposed approaches, by offering more precise and coherent segmentation of anatomical structures, particularly in the context of brain cancer. These results highlight the promising potential of nature-inspired techniques to improve the quality of healthcare and open new perspectives for innovation in the field of medical radiology. In conclusion, this thesis contributes to enrich the field of medical image segmentation by proposing innovative approaches based on biological optimization. These advances provide new opportunities to improve diagnostic accuracy, optimize treatment planning, and ultimately improve clinical outcomes for patients.

keywords: bio-inspired algorithms, segmentation, clustering, brain tumor, brain MRI, k-means, fuzzy c-means, tree seed algorithm, artificial bee colony algorithms.

Table de Matières

Introduction Générale	1
Chapitre 1 : Review Médicale sur le cerveau	
1. Introduction	6
2. Anatomie du cerveau	6
2.1. Les principaux tissus du cerveau	8
3. Imagerie cérébrale	10
3.1. Applications cliniques de l'imagerie cérébrale	10
3.2. Techniques d'imagerie cérébrale	11
3.2.1. Imagerie par résonance magnétique	11
3.2.2. Tomodensitométrie	13
3.2.3. Tomographie par émission de positrons	14
3.2.4. Electroencéphalographie	15
3.2.5. Magnétoencéphalographie	17
4. Les tumeurs cérébrales	19
4.1. Types de tumeurs cérébrales	19
4.1.1. Origine cellulaire	20
4.1.2. Malignité	20
4.1.3. Localisation	20
4.2. Physiopathologie de la tumeur cérébrale	21
4.2.1. Les facteurs génétiques	22

4.2.2. Les facteurs environnementaux	22
4.2.3. Les facteurs hormonaux	22
4.2.4. La croissance des tumeurs cérébrales	22
4.3. Gradation des tumeurs selon l’OMS	23
4.4. Etapes du diagnostic	23
4.4.1. Examen physique complet	24
4.4.2. Examen neurologique	24
4.4.3. Les examens d’imagerie	24
4.4.4. La biopsie	25
4.4.5. La ponction lombaire	26
5. Les systèmes de diagnostic assistés par ordinateur	27
5.1. Prétraitement	28
5.2. Segmentation des images IRM	29
5.3. Extraction des caractéristiques	33
5.3.1. Caractéristiques des textures	33
5.1.1. Caractéristiques morphologiques	34
5.1.2. Caractéristiques d'intensité	34
5. Conclusion	36

Chapitre 2 : Etat d’art sur la Segmentation d’Images Médicales

1. Introduction	38
2. Définition de la segmentation	38
3. Segmentation par seuillage	39
3.1. La méthode de l’histogramme	41

3.2. La méthode de l'entropie	41
3.3. La méthode de l'information mutuelle	42
4. Segmentation par contour	43
4.1. Détection de contours par gradient de Sobel et Prewitt	44
4.2. Détection de contours par Laplacien	45
4.3. Détection de contours par la méthode de Canny	45
5. Segmentation par régions	46
5.1. Segmentation par croissance de région	48
5.2. Segmentation par division	48
5.3. Segmentation par division-fusion	49
6. Segmentation par clustering	50
6.1. Algorithme k-means	50
6.2. Algorithme FCM	51
6.3. Limites des algorithmes de clustering classique	53
6.4. La recherche du nombre optimal de clusters	54
6.4.1. La méthode de Coude	55
6.4.2. Méthode de silhouette	56
6.4.3. Méthode de l'entropie	57
6.4.4. Méthode de la validation croisée	58
6.4.5. Algorithmes statistique d'écart	58
6.4.6. Le problème du minima local	59
7. Conclusion	60

Chapitre 3 : Taxonomie des algorithmes bio-inspirée

1. Introduction	63
2. Concepts et définitions	64
2.1. Optimisation	64
2.2. Les techniques heuristiques	64
2.3. Les techniques méta-heuristique	65
2.4. Les techniques hyper-heuristique	66
2.5. Algorithmes bio-inspiré	67
3. Taxonomie des algorithmes bio-inspirés	68
3.1. Algorithmes évolutionnaires	68
3.1.1. Algorithmes génétiques	69
3.1.2. Algorithmes mémétiques	70
3.1.3. Algorithmes d'évolution différentielle	71
3.2. Algorithmes d'intelligence collective	73
3.2.1. Particle Swarm Intelligence	74
3.2.2. Optimisation par colonie de fourmis	75
3.2.3. Algorithme de colonie d'abeilles artificielles	76
3.2.4. Algorithme de lucioles	78
3.2.5. Algorithme de chauve-souris	79
3.2.6. Optimiseur des loups	81
3.3. Algorithmes basés sur les plantes	83
3.3.1. Algorithmes de pollinisation des fleurs	83
3.3.2. Algorithmes de propagation des plantes	85
3.3.3. Algorithmes de graine d'arbre	86

3.4. Méta-heuristiques mimant les fonctions physiologiques humaines ou zoologiques	88
3.4.1. Système immunitaire artificiel	89
3.4.2. Réseaux de neurones	90
3.4.3. Algorithme de recherche mentale humaine	92
3.5. Algorithmes Anthropologiques	93
3.5.1. Recherche à tabou	95
3.5.2. Algorithme de compétition impérialiste	96
3.5.3. Optimisation de la société anarchique	97
4. Applications des algorithmes bio-inspirés	99
5. Avantages et inconvénients des techniques bio-Inspirée	101
5.1. Avantages	101
5.2. Inconvénients	102
6. Conclusion	102

Chapitre 4 : Méthodologie, Expérimentation et Discussion

1. Introduction	104
2. Dataset et Métriques d'évaluation	106
2.1. Description du dataset	106
2.2. Métriques d'évaluation	107
2.2.1. Métriques externes	108
2.2.2. Métriques internes	110
3. Approche 1 : Segmentation des images IRM cérébrales par hybridation FCM-ABC	112

3.1. Présentation de l'algorithme de la colonie d'abeilles artificielle ABC	112
3.2. Segmentation des images IRM cérébrales par hybridation FCM-ABC.	114
3.2.1. Mécanisme de fonctionnement de l'algorithme FCM-ABC	114
3.2.2. Résultats et discussion	120
4. Approche 2 : Nouvelle méthode de segmentation	122
4.1. Présentation de l'algorithme	122
4.2. Résultats et discussion	126
5. Approche 3 : Amélioration de l'approche 2 par l'algorithme de grain d'arbre	131
5.1. Présentation générale de l'algorithme de grain d'arbre	131
5.2. Hybridation de l'approche 2 avec de l'algorithme de grain d'arbre	132
5.3. Résultats et discussion	135
6. Synthèse des trois approches	141
7. Conclusion	143
Conclusion générale	145
Références	149

Liste des Figures

Figure 1.1. Représentation externe des différents lobes du cerveau	8
Figure 1.2 : Les principaux tissus du cerveau	10
Figure 1.3. Image IRM	13
Figure 1.4. Image TDM	14
Figure 1.5. Image TEP	16
Figure 1.6. Tracé EEG	17
Figure 1.7. Image MEG	19
Figure 1.8. Glioblastome vu par IRM	20
Figure 1.9. Tumeur bénigne à gauche, Tumeur maligne à droite	21
Figure 1.10. Exemples de tumeurs cérébrales	22
Figure 1.11. Architecture générale d'un système DAO	28
Figure 1.12. Exemple d'extraction d'une tumeur cérébrale à partir d'une image segmentée	30
Figure 1.13. Nombre de publications sur la segmentation des tumeurs cérébrales par année	30
Figure 2.1. Image avant et après seuillage	40
Figure 2.2. Exemple de détection de contours par approche gradient	44
Figure 2.5. Nombre optimal de clusters pour K-means par la méthode de coude	56
Figure 2.6. Nombre optimal de clusters pour K-means par la méthode de silhouette	57
Figure 2.7. Nombre optimal de clusters pour K-means par la méthode d'entropie	57
Figure 2.8. Nombre optimal de cluster par la méthode statistique d'écart	59
Figure 3.1. Classification des méthodes d'optimisation bio-inspirées	68

Figure 4.1. Extrait du dataset des images IRM cérébrales	107
Figure 4.2. Sélection de la population initiale	115
Figure 4.3 Modification de la valeur à l'aide du partenaire	117
Figure 4.4. Organigramme de l'approche FCM-ABC	118
Figure 4.5. Segmentation des images IRM cérébrales par FCM-ABC	121
Figure 4.6. Organigramme de notre nouvel algorithme de segmentation	124
Figure 4.7. Segmentation des images IRM cérébrales par l'algorithme proposé avec différentes valeurs de seuil	128
Figure 4.8 : Organigramme de l'algorithme amélioré avec TSA	135
Figure 4.9. Segmentation qualitative des IRM cérébrale en utilisant notre algorithme optimisé avec TSA	138
Figure 4.10. Comparaison qualitative entre quatre approches	143

Liste des Tableaux

Tableau 1.1. Graduation des tumeurs	24
Table 3.1. Algorithmes évolutionnaires de base sélectionnés	69
Table 3.2. Algorithmes d'intelligence collective sélectionnés	73
Table 3.3. Algorithmes basés sur les plantes	83
Table 3.4. Algorithmes basés sur le système immunitaire artificiel	88
Table 3.5. Algorithmes Mimant le Comportement Social Humain	95
Table 4.3. Résultats de performance de segmentation des images IRM cérébrales par l'algorithme proposé avec différentes mesures.	131
Table 4.4. Résultats de performance sur l'IRM cérébrale par l'algorithme hybride avec différentes itérations TSA	140
Table 4.5. Comparaison quantitative entre quatre approches	143

Liste des Acronymes

ABC	Artificial bee colony
ACO	Ant colony optimisation
AG	Algorithme génétique
AM	Algorithmes mémétiques
ASO	Anarchic society optimization
BA	Bat algorithm
DBI	Davies-Bouldin index
DE	Evolution différentielle
GWO	Gray Wolf Optimizer
FA	Firefly algorithm
FCM	Fuzzy c-means
FPA	flower pollination algorithm
ICA	Imperialist competition algorithm
PPA	Plant Propagation Algorithm
PSO	Particule swarm optimization
SC	Silhouette coefficient
TSA	Tree seed algorithms

Introduction Générale

Le traitement d'images médicales est une branche du traitement d'images de plus en plus étudiée et utilisée dans de nombreux domaines d'application (microscopie, résonance magnétique, etc.). Son objectif principal est d'aider les médecins à traiter les données auxquelles ils sont confrontés au quotidien.

La technologie de l'imagerie médicale connaît actuellement une révolution majeure car elle joue un rôle très important dans le diagnostic des maladies. Ces dernières années, l'accent a été mis sur le développement de machines et d'algorithmes pour simplifier l'acquisition et l'analyse des images médicales. Cette avancée permet aux médecins de prendre des décisions plus précises et plus éclairées concernant le traitement des maladies. Un exemple est l'utilisation de l'IRM pour détecter et évaluer les tumeurs cérébrales. 90% des cas, y compris le médulloblastome et le lymphome, peuvent être traités avec succès lorsque les tumeurs cérébrales sont détectées tôt. Cependant, pour déterminer avec précision la taille et l'étendue des tumeurs, les images médicales doivent être segmentées afin de séparer les régions affectées des régions saines. Ce processus nécessite un haut niveau de précision pour éviter de perdre des données importantes. Diverses techniques sont disponibles pour atteindre cet objectif, telles que les méthodes de seuillage, les méthodes de clustering, la détection des contours et l'apprentissage automatique. Les algorithmes de clustering sont largement utilisés dans l'analyse d'images médicales pour des tâches telles que la segmentation, la classification et l'extraction de caractéristiques.

Il existe plusieurs algorithmes de clustering couramment utilisés dans le traitement des images médicales, notamment : K-Means, Fuzzy C-Means, clustering hiérarchique, DBSCAN, etc. Le choix de l'algorithme de clustering dépend de la tâche spécifique à accomplir et des caractéristiques de l'image médicale à analyser.

Cependant, lorsqu'il s'agit du clustering, ces algorithmes sont confrontés à deux défis majeurs :

- Premièrement, les images médicales peuvent être de nature complexe et contenir des régions d'intérêt qui se chevauchent. De plus, les algorithmes de clustering

s'appuient sur des méthodes de recherche locales pour trouver les centres des clusters. En conséquence, il existe un risque important de rencontrer des problèmes de minima locaux, ce qui peut amener l'algorithme à sélectionner des centres inappropriés, entraînant un clustering sous-optimal.

- Deuxièmement, dans la plupart des techniques de clustering, les nombres de clusters finaux sont déterminées sur la base des centres initiaux prédéfinis. Cela peut conduire à des résultats de segmentation inexacts qui ne peuvent pas être capturés en raison des caractéristiques sous-jacentes des images médicales analysées.

Ces défis mettent en évidence la nécessité de poursuivre la recherche et le développement d'algorithmes de clustering capables de mieux répondre aux besoins spécifiques de l'analyse d'images médicales.

Pour résoudre le premier problème, les algorithmes de clustering non supervisés peuvent être optimisés à l'aide de diverses techniques. L'optimisation est un domaine de recherche qui vise à trouver les meilleures solutions possibles à des problèmes complexes. Les méthodes d'optimisation traditionnelles peuvent parfois échouer à trouver des solutions optimales, en particulier lorsqu'il s'agit de problèmes d'optimisation combinatoire ou de problèmes d'optimisation continue non linéaires. Dans ce contexte, les algorithmes bio-inspirés ont émergé comme une alternative prometteuse pour résoudre ces problèmes d'optimisation complexes.

Les algorithmes bio-inspirés sont des méthodes d'optimisation qui s'inspirent de processus naturels tels que l'évolution, le comportement animal ou les systèmes immunitaires. Ces algorithmes utilisent des principes biologiques pour explorer l'espace de recherche et trouver des solutions optimales. Les algorithmes bio-inspirés les plus couramment utilisés comprennent l'algorithme génétique, l'optimisation par colonie de fourmis, l'optimisation par essaim particulaire, l'algorithme Tree Seed, l'algorithme des chauves-souris et l'algorithme des loups.

Les questions que nous devons nous poser à travers cette thèse sont :

- Quel algorithme de clustering le plus approprié pour segmenter efficacement les images médicales et comment pouvons-nous l'améliorer à l'aide d'algorithmes d'inspiration biologique ?
- Comment déterminer le nombre idéal de clusters pour lesquels l'image doit être segmentée ?

Nos travaux contribuent à la segmentation des images IRM par trois approches :

- Dans la première approche, nous optimisons le FCM en utilisant l'algorithme des colonies d'abeilles pour éviter le problème des minima locaux dans la segmentation des images IRM.
- Dans la deuxième approche, nous créons un nouvel algorithme de segmentation qui permet de déduire le nombre optimal de clusters.
- Tandis que dans la troisième approche, nous utilisons un algorithme bio-inspiré TSA, pour améliorer le deuxième algorithme proposé. Le TSA est utilisé pour sélectionner le centre optimal de chaque cluster et pour éviter le problème des minima locaux. De plus, nous proposons une méthode pour déterminer le nombre approprié de clusters requis pour segmenter les images IRM cérébrales.

Organisation du manuscrit

Le présent manuscrit se décompose en quatre principaux chapitres.

L'introduction générale présente le contexte général de la recherche, les objectifs et les motivations de la thèse, ainsi que la problématique de recherche.

Le Chapitre 1 présente un aperçu des différentes modalités d'imagerie médicale, telles que la tomographie par ordinateur (CT), l'imagerie par résonance magnétique (IRM), l'échographie, la radiographie et la tomographie par émission de positrons (TEP). Nous

discuterons également la physiopathologie du cancer cérébrale, les modalités d'imagerie du cancer du cerveau et les méthodes automatiques assistées par les ordinateurs pour diagnostiquer ces tumeurs. Une description du système de diagnostic par ordinateur est présentée en fin du chapitre.

Dans le chapitre 2, nous passerons en revue les différentes méthodes de segmentation d'images médicales, leurs avantages et leurs limites, ainsi que les défis et les opportunités associés à cette tâche importante.

Dans le Chapitre 3, nous explorons les différentes catégories des algorithmes bio-inspirés. Cette exploration nous invite à approfondir notre compréhension des mécanismes biologiques sous-jacents à ces algorithmes, ainsi qu'à explorer de nouvelles avenues pour leur application dans divers domaines.

Le chapitre 4 présente la méthodologie globale des approches adoptées et mise en œuvre dans la partie expérimentale. Une discussion de chaque méthode est présentée.

La thèse se termine par une conclusion générale, elle résume les principales conclusions de la recherche, en soulignant les contributions de la thèse au domaine de recherche. Elle fournit également des recommandations pour de futures recherches dans le domaine.

Chapitre 1 : Review Médicale sur le cerveau

1. Introduction

L'imagerie médicale est un domaine en constante évolution qui a révolutionné la pratique médicale moderne. Les images médicales sont utilisées pour diagnostiquer, surveiller et traiter une grande variété de maladies et de conditions médicales. Les progrès technologiques récents ont conduit à une explosion de la quantité de données d'imagerie médicale disponibles, ce qui a créé un besoin urgent de méthodes efficaces pour analyser et interpréter ces données.

Un examen approfondi des images médicales est essentiel pour comprendre les tendances actuelles et les développements récents dans le domaine de l'imagerie médicale. Ce chapitre présente un aperçu des différentes modalités d'imagerie médicale, telles que la tomographie par ordinateur (CT), l'imagerie par résonance magnétique (IRM), l'échographie, la radiographie et la tomographie par émission de positrons (TEP). Nous discuterons également la physiopathologie du cancer cérébrale, les modalités d'imagerie du cancer du cerveau et les méthodes automatiques assistées par les ordinateurs pour diagnostiquer ces tumeurs. Une description du système de diagnostic par ordinateur est présentée en fin du chapitre.

2. L'anatomie du cerveau

Le cerveau est la partie la plus volumineuse de l'encéphale. L'encéphale correspond aux trois organes qui sont situés dans la cavité de la boîte crânienne qui sont le cerveau, le cervelet et le tronc cérébral.

Le cerveau est la partie la plus volumineuse de l'encéphale, il pèse généralement entre 1400 et 1800 grammes (Duvernoy, 2018). Des membranes appelées méninges l'entourent et le protègent. Il est divisé en deux hémisphères, la droite et la gauche. Sa surface présente de nombreux replis, avec un grand nombre de circonvolutions limitées par des sillons. Il se compose de deux hémisphères, l'hémisphère gauche et l'hémisphère droit.

Chaque hémisphère peut être divisé en quatre lobes comme l'indique la Figure 1.1 (Wiest-Daesslé,2009).

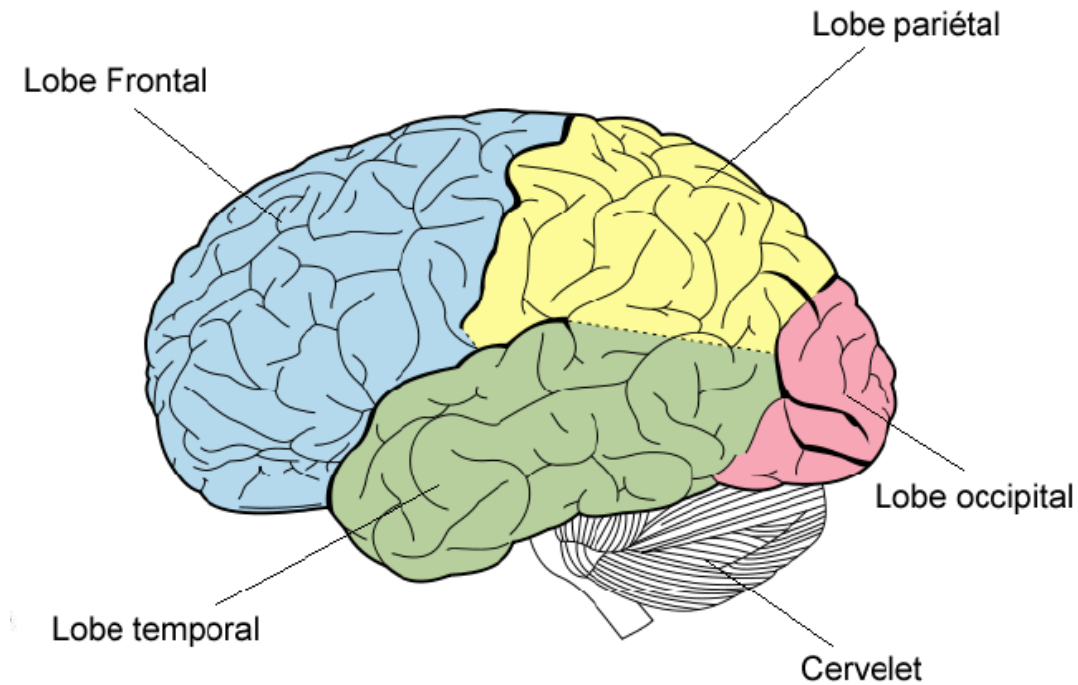


Figure 1.1. Représentation externe des différents lobes du cerveau.

- Le lobe frontal est le lobe le plus volumineux dans le cerveau situé en avant du sillon central et au-dessus de la fissure latérale. Il peut être subdivisé en gyri de manière assez reproductible. Il assure des fonctions de plus en plus subtiles : de la motricité jusqu'à la production du langage (aire de Broca), en passant par nos capacités d'anticipation, de délibération, d'abstraction, de contrôle du comportement, de récupération et de vérification de nos souvenirs.
- Le lobe pariétal est situé à l'arrière du sillon central et représenté par les centres sensitifs. Il joue un rôle essentiel dans la constitution de notre schéma corporel, c'est-à-dire l'ensemble des représentations mentales et spatiales de notre corps. A l'avant, tout près du lobe frontal, se trouvent les aires somesthésiques, où affluent les informations tactiles : le toucher, la température, la douleur...etc.
- Le lobe occipital est constitué essentiellement des aires visuelles primaires où sont traitées séparément les informations contextuelles géométriques (formes,

contours), scéniques (luminosité), avant leur synthèse et leur identification dans les lobes temporal, pariétal et frontal

- Le lobe temporal est situé sous les lobes frontal et pariétal et en avant du lobe occipital. Il traite les informations auditives, y compris la compréhension du langage (aire de Wernicke). C'est aussi grâce à lui que nous reconnaissons ce que nous voyons.
- La région rayée est le cervelet qui joue un rôle important dans l'équilibre. Il coordonne l'activité motrice de manière à synchroniser les mouvements.

2.1. Les principaux tissus du cerveau

Le cerveau est un organe complexe composé de différents tissus, qui sont : la matière grise, la matière blanche, les ventricules cérébraux et les méninges (Duvernoy, 2018). Chacun de ces tissus a des fonctions spécifiques et contribue au bon fonctionnement du cerveau.

Ces tissus travaillent ensemble pour permettre au cerveau de fonctionner correctement. La matière grise est responsable des fonctions cognitives et motrices, tandis que la matière blanche permet la communication entre les différentes régions du cerveau. Les ventricules cérébraux protègent le cerveau et la moelle épinière des chocs et des traumatismes, tandis que les méninges protègent le cerveau et la moelle épinière des infections et des traumatismes.

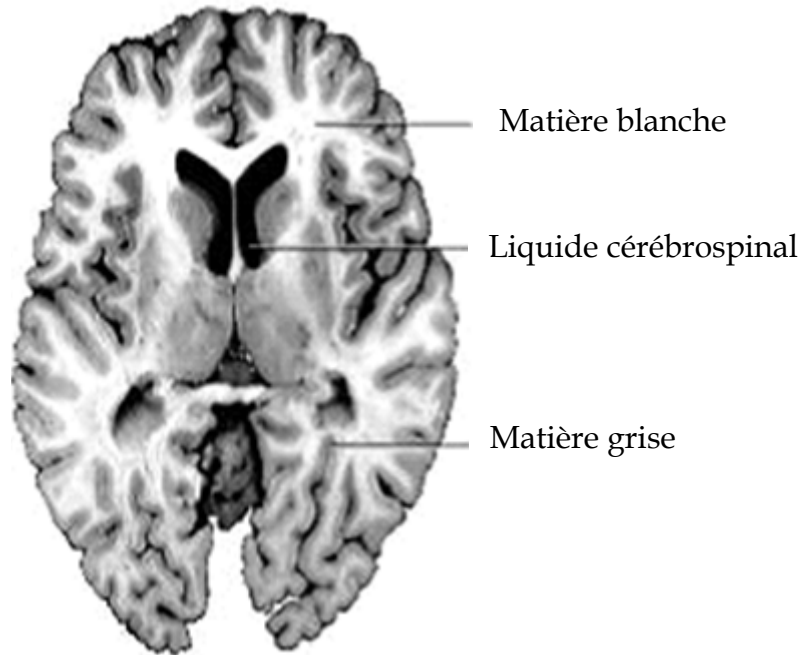


Figure 1.2 : Les principaux tissus du cerveau

Matière grise

La matière grise est constituée de neurones et de cellules gliales ([Mazereau, 2018](#)). Les neurones sont des cellules spécialisées qui transmettent des informations sous la forme des signaux électriques et chimiques. Les cellules gliales soutiennent et protègent les neurones. La matière grise est responsable de la plupart des fonctions cognitives et motrices du cerveau, notamment :

- La perception sensorielle : La matière grise reçoit et traite les informations sensorielles provenant des yeux, des oreilles, du nez, de la bouche et de la peau.
- Le mouvement : La matière grise contrôle les mouvements volontaires, tels que marcher, parler et écrire.
- La mémoire : La matière grise stocke et récupère les souvenirs.
- Le langage : La matière grise permet de comprendre et de produire le langage.
- La pensée : La matière grise est responsable de la pensée, du raisonnement et de la résolution de problèmes.

La matière blanche

La matière blanche est constituée des fibres nerveuses, également appelées axones. Les axones sont de longues extensions des neurones qui transmettent les signaux électriques et chimiques d'un neurone à un autre. La matière blanche permet la communication entre les différentes régions du cerveau (Mazereau, 2018).

Liquide cérebrospinal : est la substance dans laquelle le cerveau et le cervelet se baignent. Il a un volume moyen de 150 ml et est absorbé par le système veineux cérébral (Mazereau, 2018). Il se circule dans des cavités connues sous le nom de ventricules. Le liquide cérebrospinal protège le cerveau et la moelle épinière des chocs et des traumatismes. Il permet également de réguler la pression intracrânienne.

Les méninges

Les méninges sont trois membranes qui enveloppent le cerveau et la moelle épinière. Les méninges protègent le cerveau et la moelle épinière des infections et des traumatismes.

3. L'imagerie cérébrale

L'imagerie cérébrale est un domaine de la médecine en constante évolution qui utilise différentes techniques pour visualiser le cerveau et son fonctionnement et permet de mieux comprendre les troubles cérébraux. Les techniques d'imagerie cérébrale sont utilisées dans un large éventail d'applications cliniques, notamment le diagnostic, le suivi, la planification chirurgicale et la recherche (Amyot et al,2015).

3.1.Applications cliniques de l'imagerie cérébrale

L'imagerie cérébrale est utilisée dans un large éventail d'applications cliniques, notamment :

- **Le diagnostic des troubles cérébraux** : L'imagerie cérébrale peut être utilisée pour diagnostiquer un large éventail de troubles cérébraux, notamment les tumeurs, les

accidents vasculaires cérébraux, les scléroses en plaques, les maladies neurodégénératives, les épilepsies, les troubles du sommeil et les troubles psychiatriques.

- **Le suivi de l'évolution des troubles cérébraux :** L'imagerie cérébrale peut être utilisée pour suivre l'évolution des troubles cérébraux et évaluer l'efficacité des traitements. Par exemple, l'imagerie cérébrale peut être utilisée pour suivre la croissance d'une tumeur cérébrale ou pour évaluer l'efficacité d'un traitement contre l'épilepsie.
- **La planification des interventions chirurgicales :** L'imagerie cérébrale peut être utilisée pour planifier des interventions chirurgicales sur le cerveau. Par exemple, l'imagerie cérébrale peut être utilisée pour déterminer l'emplacement d'une tumeur cérébrale ou pour planifier une intervention chirurgicale pour traiter une épilepsie.
- **La recherche sur le cerveau et les troubles cérébraux :** L'imagerie cérébrale est utilisée dans de nombreuses recherches sur le cerveau et les troubles cérébraux. Par exemple, l'imagerie cérébrale peut être utilisée pour étudier le développement du cerveau chez les enfants, pour comprendre les mécanismes des troubles cérébraux ou pour tester de nouveaux traitements contre les troubles cérébraux.

3.2. Techniques d'imagerie cérébrale

3.2.1. Imagerie par résonance magnétique

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie médicale permettant d'obtenir des vues en deux ou en trois dimensions de l'intérieur du corps de façon non invasive avec une résolution en contraste relativement élevée (Beregi, 2020).

L'IRM repose sur le principe de la résonance magnétique nucléaire (RMN) qui utilise les propriétés quantiques des noyaux atomiques pour la spectroscopie en analyse chimique. L'IRM nécessite un champ magnétique puissant et stable produit par un aimant supra-conducteur qui crée une magnétisation des tissus par alignement des moments

magnétiques de spin. Des champs magnétiques oscillants plus faibles, dits « radiofréquence », sont alors appliqués de façon à légèrement modifier cet alignement et produire un phénomène de précession qui donne lieu à un signal électromagnétique mesurable. La spécificité de l'IRM consiste à localiser précisément dans l'espace l'origine de ce signal RMN en appliquant des champs magnétiques non uniformes, des « gradients », qui vont induire des fréquences de précession légèrement différentes en fonction de la position des atomes dans ces gradients.

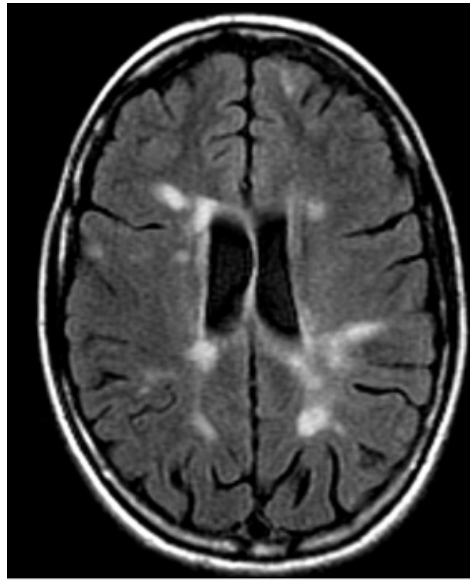


Figure 1.3. Image IRM

En imagerie médicale, l'IRM est principalement dédiée à l'imagerie du système nerveux central (cerveau et moelle épinière), des muscles, du cœur et des tumeurs. Grâce aux différentes séquences, on peut observer les tissus mous avec des contrastes plus élevés qu'avec la tomodensitométrie ; en revanche, l'IRM ne permet pas l'étude des corticales osseuses (tissus « durs ») trop pauvres en hydrogène, ni donc la recherche fine de fractures où seul l'œdème péri-lésionnel pourra être observé.

3.2.2. Tomodensitométrie

La tomodensitométrie ou TDM, également appelée tomographie axiale calculée (TAC), est un examen d'imagerie médicale qui utilise des rayons X pour créer des images en coupe du corps (Beregi, 2020). La TDM est un examen rapide et non invasif qui peut être

utilisé pour diagnostiquer une large gamme des troubles médicaux, notamment les accidents vasculaires cérébraux, les lésions cérébrales traumatiques, les tumeurs, les infections et les troubles vasculaires.

Le fonctionnement de la TDM est basé sur le principe de la superposition. Lors d'un examen de TDM, le patient est placé sur une table qui glisse dans un appareil en forme de cylindre. Un tube à rayons X tourne autour du patient, envoyant des faisceaux de rayons X à travers le corps. Un détecteur situé à l'autre extrémité de l'appareil mesure l'intensité des rayons X qui ont traversé le corps. Les informations recueillies par le détecteur sont ensuite utilisées pour créer des images en coupe du corps.

Les images TDM sont généralement visualisées sur un moniteur informatique. Elles peuvent également être imprimées ou enregistrées sur un disque. Les images TDM peuvent être utilisées par les médecins pour diagnostiquer des troubles médicaux et pour planifier des traitements.

Les avantages de la TDM incluent sa rapidité, sa précision et sa non-invasivité. La TDM est un examen sûr et efficace qui peut être utilisé pour diagnostiquer une large gamme de troubles médicaux.



Figure 1.4. Image TDM

3.2.3. Tomographie par émission de positrons

La tomographie par émission de positons (TEP) est une technique d'imagerie médicale qui utilise des radioisotopes pour créer des images du corps en fonction de son activité (Grenier, 2021). La TEP est utilisée pour diagnostiquer des troubles médicaux qui affectent le métabolisme du corps, tels que le cancer, les maladies cardiaques et les maladies neurologiques.

Le fonctionnement de la TEP est basé sur le principe de la désintégration radioactive. Les radioisotopes sont des atomes instables qui se désintègrent naturellement en émettant des particules radioactives. Dans le cas de la TEP, les radioisotopes utilisés sont des isotopes qui émettent des positons.

Les positons sont des particules chargées positivement qui interagissent avec les électrons chargés négativement de l'organisme. Lorsque cela se produit, les deux particules s'annihilent, libérant deux photons de haute énergie. Ces photons sont détectés par une caméra TEP, qui les utilise pour créer des images du corps.

Les images TEP sont généralement visualisées sur un moniteur informatique. Elles peuvent également être imprimées ou enregistrées sur un disque. Les images TEP peuvent être utilisées par les médecins pour diagnostiquer des troubles médicaux et pour planifier des traitements.

Les avantages de la TEP incluent sa capacité à fournir des informations sur l'activité métabolique du corps. La TEP est un examen précieux pour diagnostiquer des troubles médicaux qui affectent le métabolisme, tels que le cancer, les maladies cardiaques et les maladies neurologiques.

Les inconvénients de la TEP incluent son coût et son exposition aux radiations. La TEP est un examen plus coûteux que d'autres techniques d'imagerie médicale, telles que la tomodensitométrie (TDM) ou l'imagerie par résonance magnétique (IRM). La TEP utilise également des radioisotopes, qui peuvent exposer les patients à une petite quantité de rayonnement. Cependant, le risque de cancer associé à un examen de TEP est faible.

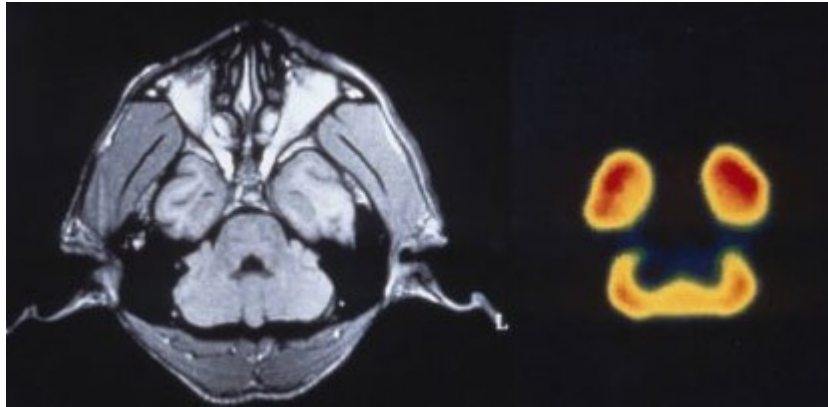


Figure 1.5. Image TEP

3.2.4. Electroencéphalographie

L'électroencéphalographie (EEG) est une technique d'exploration du cerveau qui permet d'enregistrer l'activité électrique spontanée du cerveau ([Grenier, 2021](#)). Elle consiste à placer des électrodes sur le cuir chevelu afin de capter les faibles courants électriques générés par les neurones. Ces signaux électriques sont ensuite amplifiés et enregistrés sur un appareil.

L'EEG est un examen utilisé pour diagnostiquer et surveiller diverses affections neurologiques, notamment :

- L'épilepsie
- Les troubles du sommeil
- Les comas
- Les encéphalopathies
- Les traumatismes crâniens
- Les tumeurs cérébrales

Le fonctionnement l'EEG ?

Le cerveau est composé de milliards de neurones qui communiquent entre eux par l'envoi des signaux électriques. Ces signaux électriques peuvent être détectés par des électrodes placées sur le cuir chevelu. Les électrodes captent les courants électriques générés par les neurones et les envoient à un appareil qui les amplifie et les enregistre.

L'EEG produit un tracé qui montre l'activité électrique du cerveau dans le temps. Les différentes phases de l'activité cérébrale peuvent être identifiées sur le tracé EEG, notamment :

- Les ondes alpha, qui sont des ondes lentes et régulières associées à un état de repos ou de veille calme.
- Les ondes bêta, qui sont des ondes plus rapides et irrégulières associées à un état d'éveil et d'activité mentale.
- Les ondes thêta, qui sont des ondes lentes et irrégulières associées au sommeil et à la méditation.
- Les ondes delta, qui sont des ondes très lentes et de grande amplitude associée au sommeil profond.

L'interprétation de l'EEG est un processus complexe qui nécessite une expertise médicale. Les médecins spécialistes en neurophysiologie interprètent le tracé EEG en tenant compte de l'âge du patient, de ses antécédents médicaux et des symptômes qu'il présente.

Un EEG normal montre une activité électrique régulière et symétrique. Un EEG anormal peut montrer des signes d'activité épileptiforme, de troubles du sommeil ou d'autres affections neurologiques.

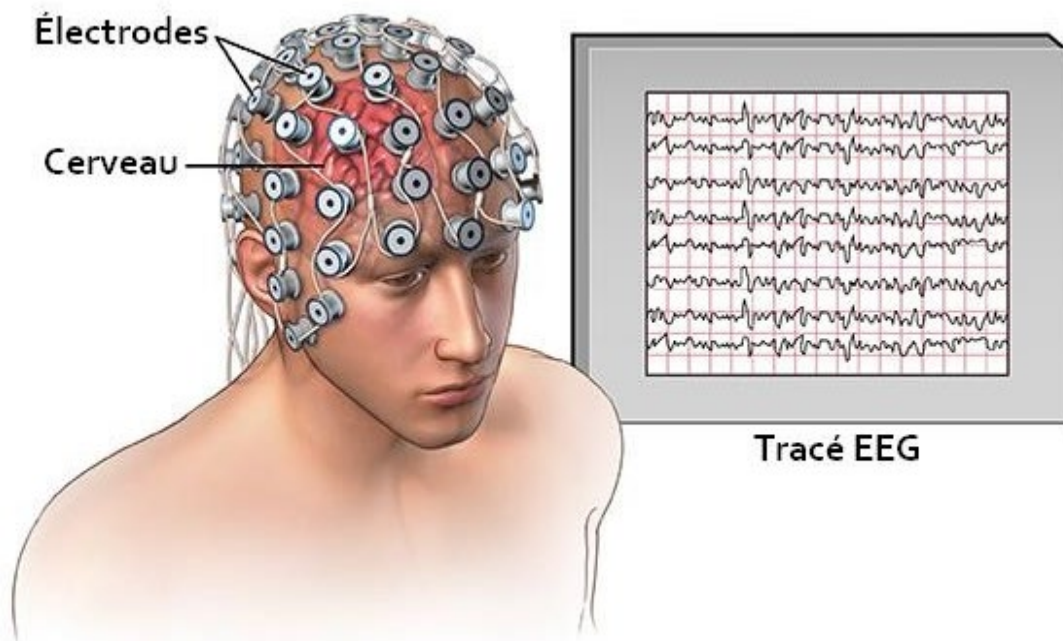


Figure 1.6. Tracé EEG

3.2.5. Magnétoencéphalographie

La magnétoencéphalographie (MEG) est une technique d'imagerie cérébrale puissante qui offre une meilleure localisation spatiale et une sensibilité aux sources profondes du cerveau par rapport à l'EEG (Brillet, 2019). Contrairement à l'EEG qui mesure l'activité électrique directement, la MEG mesure les champs magnétiques extrêmement faibles produits par cette activité électrique des neurones.

La MEG offre plusieurs avantages par rapport à l'EEG :

- Meilleure localisation spatiale : la MEG peut identifier avec une précision millimétrique la source précise de l'activité cérébrale, car les champs magnétiques ne sont pas aussi facilement déformés par le crâne que les signaux électriques.
- Sensibilité aux sources profondes du cerveau : la MEG peut détecter l'activité des régions cérébrales profondes que l'EEG peine à atteindre.
- Pas de sensibilité aux artefacts musculaires : la MEG n'est pas affectée par les signaux électriques provenant des muscles du cuir chevelu, contrairement à l'EEG.

Cependant, la MEG présente aussi quelques limitations :

- Coût élevé : l'équipement MEG est très sophistiqué et coûteux, ce qui limite son accessibilité.
- Procédure plus complexe : l'examen MEG nécessite un environnement calme et contrôlé, et le patient doit rester immobile pendant l'enregistrement.

La MEG est utilisée pour diverses applications cliniques et de recherche :

- Diagnostic de l'épilepsie : la MEG peut aider à localiser la source précise des crises d'épilepsie, ce qui est crucial pour la planification chirurgicale.
- Étude des fonctions cérébrales supérieures : la MEG peut être utilisée pour étudier le fonctionnement du cerveau lors de diverses tâches cognitives, telles que la perception, le langage et la mémoire.
- Développement de traitements neurologiques : la MEG peut être utilisée pour évaluer l'efficacité de nouveaux traitements pour les troubles neurologiques.

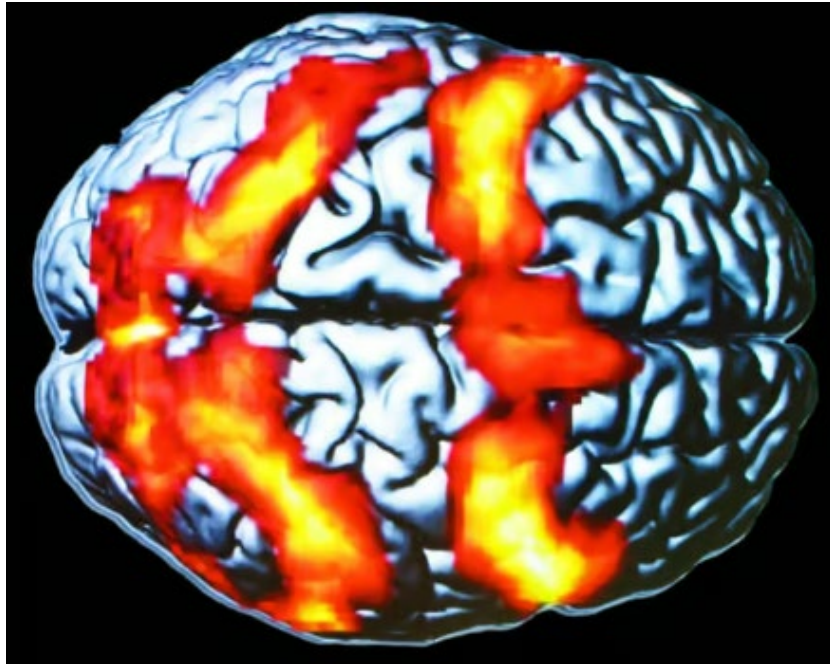


Figure 1.7. Image MEG

4. Les tumeurs cérébrales

Une tumeur cérébrale est une croissance anormale des cellules dans le cerveau. Les tumeurs cérébrales peuvent être bénignes ou malignes. Les tumeurs bénignes ne se propagent pas à d'autres parties du corps, tandis que les tumeurs malignes peuvent se propager et former de nouvelles tumeurs (Varlet, 2019).

Les tumeurs cérébrales peuvent se développer à partir de différents types de cellules du cerveau, y compris les neurones, les cellules gliales et les cellules vasculaires. Les tumeurs cérébrales les plus courantes sont les gliomes, qui se développent à partir des cellules gliales (Figure 1.8).

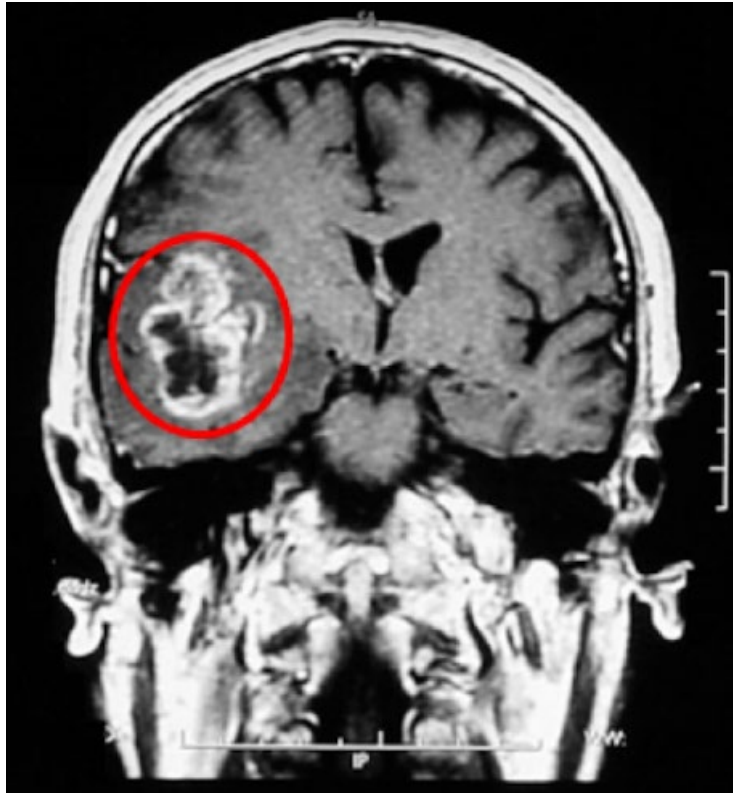


Figure 1.8. Glioblastome vu par par IRM

4.1. Types de tumeurs cérébrales

Les tumeurs cérébrales peuvent être classées selon leur origine cellulaire, leur malignité et leur localisation (Varlet, 2019).

4.1.1. Origine cellulaire

Les tumeurs cérébrales peuvent se développer à partir de différents types de cellules du cerveau, y compris :

- Les neurones : les cellules nerveuses qui transmettent les informations dans le cerveau.
- Les cellules gliales : les cellules qui soutiennent et protègent les neurones.

- Les cellules vasculaires : les cellules qui forment les vaisseaux sanguins du cerveau.

4.1.2. Malignité

Les tumeurs cérébrales peuvent être classées en tumeurs bénignes et malignes.

- Les tumeurs bénignes ne se propagent pas à d'autres parties du corps.
- Les tumeurs malignes peuvent se propager et former de nouvelles tumeurs.

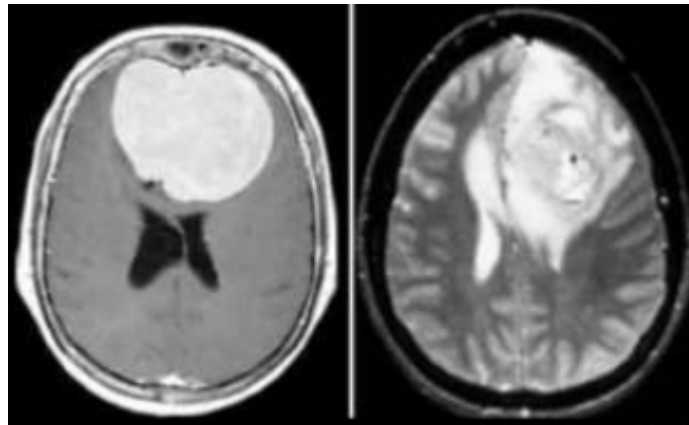


Figure 1.9. Tumeur bénigne à gauche, Tumeur maligne à droite

4.1.3. Localisation

Les tumeurs cérébrales peuvent se développer dans n'importe quelle partie du cerveau.

Les localisations les plus courantes sont :

- Le lobe frontal, qui est responsable de la pensée, de la planification et de l'exécution des actions.
- Le lobe temporal, qui est responsable de l'audition, de la mémoire et de la compréhension du langage.
- Le lobe occipital, qui est responsable de la vision.
- Le lobe pariétal, qui est responsable de la perception du toucher, de la douleur et de la température.

La figure suivante illustre des exemples des tumeurs cérébrales :

- a) Image pondérée en T1 avec tumeur,

- b) Image pondérée en T2 avec tumeur en position centrale,
- c) Image pondérée en T1 avec renforcement des contrastes montrant une tumeur en anneau,
- d) Image pondérée en T1 avec oligodendro-gliome de haut grade avec renforcement des contrastes
- e) Image pondérée en T2 avec oligodendro-gliome de haut grade provenant du même patient.

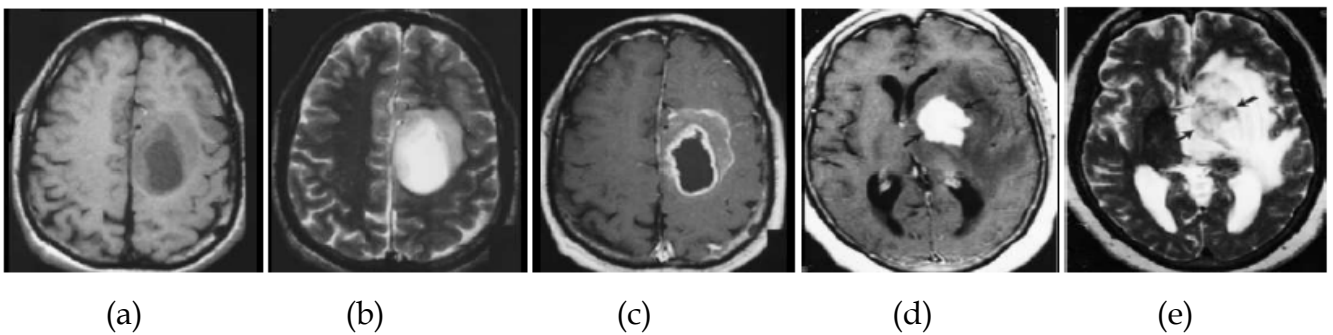


Figure 1.10. Exemples de tumeurs cérébrales (Chinot, 2017)

4.2. Physiopathologie de la tumeur cérébrale

La physiopathologie des tumeurs cérébrales est complexe et n'est pas entièrement comprise. Cependant, plusieurs facteurs contribuent au développement de ces tumeurs, notamment (Meder, 2015) :

- Les facteurs génétiques : certaines personnes sont plus à risque de développer une tumeur cérébrale en raison de mutations génétiques héréditaires ou acquises.
- Les facteurs environnementaux : certains facteurs environnementaux, tels que l'exposition aux rayonnements ionisants ou aux produits chimiques, peuvent augmenter le risque de développer une tumeur cérébrale.
- Les facteurs hormonaux : les hormones peuvent jouer un rôle dans la croissance des tumeurs cérébrales.

4.2.1. Les facteurs génétiques

Les tumeurs cérébrales peuvent être causées par des mutations génétiques héréditaires ou acquises. Les mutations héréditaires sont transmises des parents aux enfants. Les mutations acquises se produisent au cours de la vie d'une personne.

Les mutations génétiques peuvent affecter les cellules de plusieurs manières. Elles peuvent entraîner une croissance cellulaire excessive, une résistance à la mort cellulaire programmée (apoptose) ou une capacité à se propager à d'autres parties du corps.

4.2.2. Les facteurs environnementaux

L'exposition aux rayonnements ionisants, tels que les rayons X ou les radiations de la radiothérapie, peut augmenter le risque de développer une tumeur cérébrale. L'exposition aux produits chimiques, tels que les pesticides ou les solvants, peut également augmenter le risque.

4.2.3. Les facteurs hormonaux

Les hormones peuvent jouer un rôle dans la croissance des tumeurs cérébrales. Les œstrogènes, par exemple, peuvent favoriser la croissance des tumeurs cérébrales sensibles aux œstrogènes.

4.2.4. La croissance des tumeurs cérébrales

Une fois qu'une tumeur cérébrale se développe, elle peut continuer à croître de plusieurs manières. Elle peut se développer de manière expansive, en poussant sur les tissus environnants. Elle peut également se développer de manière invasive, en pénétrant dans les tissus environnants.

La croissance des tumeurs cérébrales peut entraîner des problèmes neurologiques, tels que des maux de tête, des nausées, des vomissements, des troubles de la vision, des troubles de l'équilibre, des troubles de la coordination et des troubles de la parole.

4.3. La gradation des tumeurs selon l'OMS

Les grades définies par l'OMS (Organisation Mondiale de la Santé) permettent de classer les tumeurs en fonction de leur malignité et de leurs caractéristiques. Le stade du cancer dépend du degré d'anomalie (anaplasie) des cellules tumorales et de la rapidité avec laquelle la tumeur se développe et se dilate. Le degré est déterminé dans le cadre d'une analyse microscopique des tissus prélevés (Johnson, 2017).

Grade	Description
Grade I Tumeurs bénignes	Tumeurs à croissance lente et circonscrites (limites bien définies).
Grade II Tumeurs bénignes	Tumeurs à croissance lente, mais, contrairement aux tumeurs de grade I, leurs limites sont imprécises.
Grade III Tumeurs malignes	Tumeurs anaplasiques Un ou plusieurs foyers «anaplasiques» se sont développés au sein d'une tumeur préexistante de bas grade (I ou II). Leur croissance est plus rapide que celle des tumeurs de bas grade.
Grade IV Tumeurs malignes	Les tumeurs de grade IV présentent une anaplasie très prononcée. Leur croissance est plus rapide que celle des tumeurs de bas grade.

Tableau 1.1 Graduation des tumeurs

4.4. Les étapes du diagnostic

Plusieurs étapes sont nécessaires pour déterminer l'origine des symptômes décrits et confirmer ou infirmer la présence d'une tumeur cérébrale (Meder, 2015).

4.4.1. L'examen physique complet

En cas de suspicion de tumeur cérébrale, le médecin procédera à un examen physique complet. Il permet d'exclure ou de diagnostiquer toute une série d'autres maladies pouvant induire vos symptômes.

L'analyse d'un échantillon du sang permettra de déceler une éventuelle inflammation, une modification de la formule sanguine, une maladie chronique ou un trouble organique.

4.4.2. L'examen neurologique

Les examens neurologiques ont pour but de :

- Vérifier le bon fonctionnement du système nerveux;
- Déterminer vos capacités de réaction et de coordination;
- Analyser la réaction de différents groupes musculaires aux stimuli extérieurs. Une attention particulière est accordée à la mobilité oculaire, au champ de vision et au réflexe pupillaire.

Si les résultats des examens neurologiques renforcent les soupçons de tumeur cérébrale, les médecins vont alors recourir aux examens d'imagerie.

4.4.3. Les examens d'imagerie

Ils permettent de confirmer ou d'infirmer la maladie, et, en cas de résultat positif, de connaître sa propagation et d'identifier les structures atteintes.

- **Le scanner ou tomodensitomètre** : Le tomodensitomètre, plus connu sous le nom de scanner ou CT scan, est un appareil dans lequel le patient est soumis au balayage d'un faisceau de rayons X (comme pour une radiographie classique). L'émetteur tourne autour du patient en même temps que les récepteurs chargés de mesurer l'intensité des rayons après leur passage dans le corps. L'examen ne dure que quelques secondes. Le scanner affiche une vue très précise des structures et des lésions intracrâniennes.
- **L'imagerie par résonance magnétique (IRM)** : L'IRM est basée sur l'observation de tissus soumis à un champ magnétique intense. La précision est plus élevée que celle du scanner, mais l'examen peut durer jusqu'à une heure. Le scanner et l'IRM sont utilisés pour le diagnostic, mais également pour la planification précise d'une opération ou d'un traitement de radiothérapie stéréotaxique.

- **IRMf ou Imagerie par résonance magnétique fonctionnelle** : L'IRMf permet de localiser les régions du cerveau impliquées dans des fonctions précises comme le mouvement, le langage ou la mémoire. Ces zones cérébrales sont activées suite à des consignes spécifiques données au patient lors de l'examen.
- **Angiographie ou artériographie cérébrale** : Examen radiologique de la circulation sanguine cérébrale après injection de produit de contraste dans une artère (habituellement l'artère fémorale située au pli de l'aîne). Elle se fait sous anesthésie locale. Une sonde (petit tube) est introduite dans l'artère de l'aîne et ensuite dirigée vers les artères du cou.
- **PET et TEPS** : Ces techniques permettent de visualiser les activités du métabolisme, contrairement aux technologies conventionnelles (scanner et IRM) qui se limitent aux images de l'anatomie.

4.4.4. La biopsie

La biopsie est un prélèvement tissulaire, suivi d'une analyse microscopique. La biopsie est indispensable pour poser un diagnostic avec certitude ; elle donne des informations précises sur le type et le grade de la tumeur, qui orienteront la décision thérapeutique.

On distingue deux types de biopsie :

- La biopsie à ciel ouvert : Qui nécessite une craniotomie et une anesthésie générale).
- La biopsie du cerveau par la méthode stéréotaxique : Effectuée après trépanation (perçement d'un petit trou) de la boîte crânienne, en introduisant une aiguille spéciale dans la tumeur. Cette dernière est localisée avec précision à l'aide des techniques d'imagerie médicale.

4.4.5. La ponction lombaire

Procédure qui consiste à introduire une aiguille entre les vertèbres lombaires afin de prélever du liquide céphalorachidien (LCR). L'analyse du LCR permet de déceler l'éventuelle présence de cellules cancéreuses.

5. Les systèmes de diagnostic assistés par ordinateur

Les systèmes de diagnostic assistés par ordinateur (DAO) peuvent aider les radiologues experts à diagnostiquer la tumeur et réduire la mortalité dans un stade précoce. Généralement, un système DAO standard couvre les opérations englobant la segmentation des structures, la détection des anomalies et l'extraction des caractéristiques des anomalies afin de classer le problème (Lakhal, 2020). La Figure 1.11 montre les étapes couramment implémentées dans les systèmes DAO. Ce diagramme comprend plusieurs phases comme : l'acquisition de l'image, le prétraitement, la segmentation, l'extraction de caractéristiques, la classification et l'évaluation. Lors du prétraitement, un filtre est appliqué à l'image suivi d'une transformation visant à améliorer la qualité des images cérébrale et à réduire le niveau de bruit. Dans la phase de la segmentation, les régions d'intérêt sont séparées de l'arrière-plan. En extraction des caractéristiques, les lésions et le tissu cérébrale normal représentés par certaines caractéristiques sont pris en compte pour l'évaluations. L'étape d'évaluation est critique car les vies humaines et leur bien-être dépendent fortement des résultats observés.

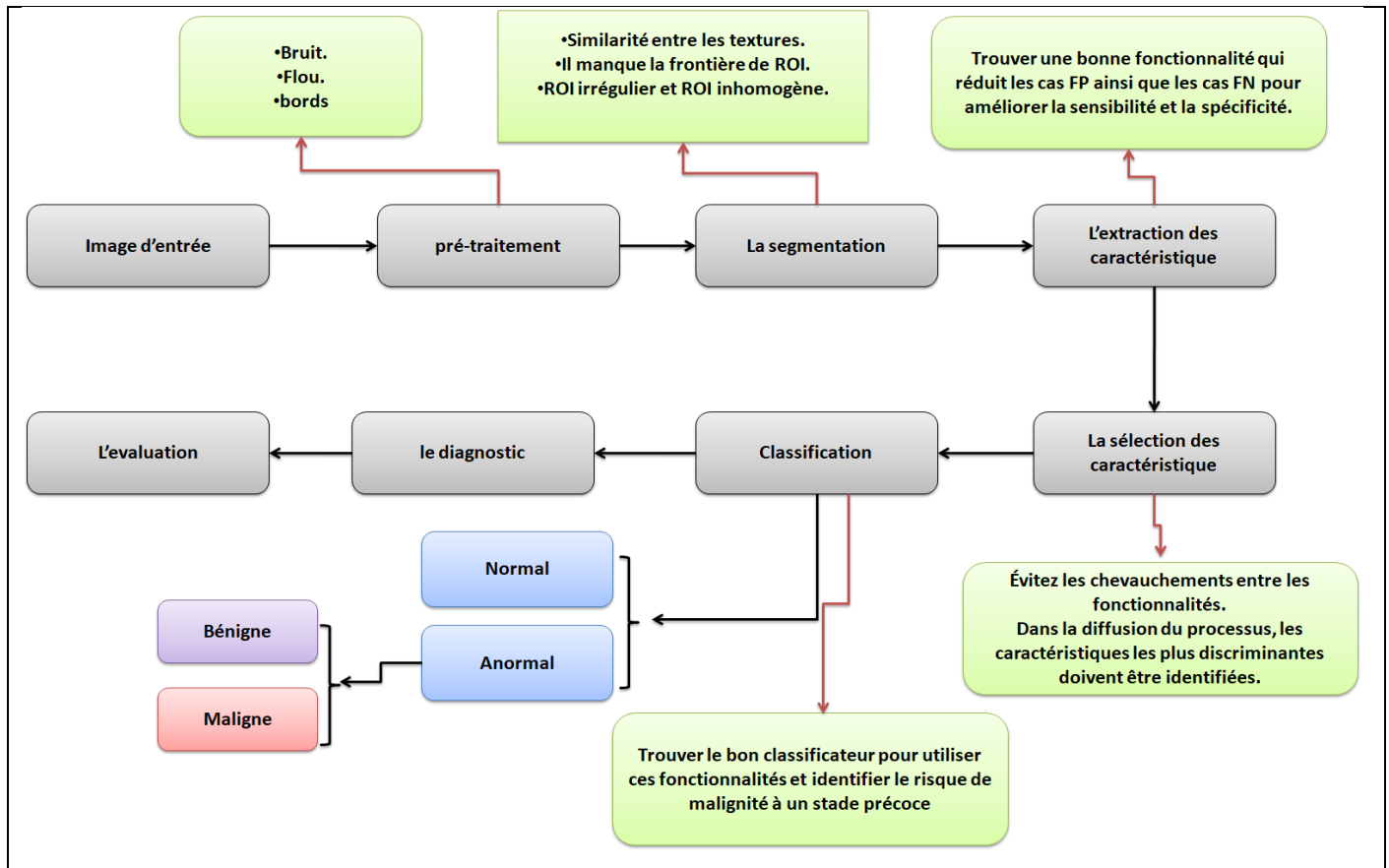


Figure 1.11. Architecture générale d'un système DAO

5.1. Prétraitement

Dans le processus DAO, le prétraitement est considéré comme critique. Leur objective est d'améliorer la qualité des images produites. Cette étape est utilisée pour améliorer la qualité de ces images en supprimant les distorsions indésirables ou pour améliorer les caractéristiques de l'image avant qu'un traitement ultérieur ne soit effectué. Le succès des étapes ultérieures de traitement d'image, telles que la segmentation, l'extraction de caractéristiques, la sélection de caractéristiques et la classification, dépend fortement de la précision du prétraitement. L'inhomogénéité, le faible contraste et le bruit non identifié sont autant de caractéristiques courantes des images cliniques qui nécessitent un prétraitement. Le prétraitement peut aider à supprimer ces problèmes dans les images médicales lorsqu'ils affectent l'analyse. De nombreuses techniques sont utilisées en

prétraitement, telles que la correction manuelle et les opérations mathématiques, la suppression et l'amélioration du bruit.

Les techniques de prétraitement comprennent la suppression des artefacts et les étiquettes radio-opaques en débruitant l'image IRM cérébrale et l'amélioration du contraste. Les filtres médians, gaussiens, morphologiques et Wiener sont couramment utilisés pour débruiter les images cérébrales. De nombreuses études utilisent des algorithmes d'amélioration du contraste tels que l'étirement du contraste, l'égalisation de l'histogramme, l'égalisation adaptative de l'histogramme limitée par le contraste, l'amélioration du contraste logarithmique et l'amélioration du contraste exponentiel, entre autres l'amélioration du contraste exponentiel (ECE). Plusieurs travaux sont énumérés dans le tableau suivant :

5.2. Segmentation des images IRM

Le processus de segmentation consiste à diviser une image en plusieurs zones partageant des caractéristiques communes, notamment le contraste, la luminosité, la texture, la couleur et le niveau de gris. La segmentation vise à manipuler la représentation d'une image vers une analyse plus facile et un contenu significatif amélioré (Elseberg et al., 2020). L'objectif principal de la segmentation d'image n'est pas de produire une image de meilleure qualité, mais plutôt délimiter et de découvrir des structures et des régions de focalisation observables. La segmentation des images médicales est une tâche difficile mais elle est nécessaire dans la détection et le diagnostic des maladies humaines. Car une détection précise de la maladie, nécessite dans un premier temps à identifier la région d'intérêt à partir des images capturées.

La détection et la segmentation précises des tumeurs cérébrales dans les images médicales sont cruciales pour le diagnostic, la planification du traitement et le suivi des patients. Détecter la région d'intérêt dans des images IRM est crucial pour l'identification automatique des tumeurs, mais également une tâche difficile. Cette approche traite l'échantillon d'IRM pour deux objectifs :

- Prédire la zone tumorale : Cela implique de segmenter l'image IRM afin d'identifier et de délimiter la région contenant la tumeur.
- Extraire la zone d'intérêt pour le calcul des caractéristiques : La zone identifiée comme étant la tumeur est ensuite extraite de l'image IRM pour permettre l'analyse et le calcul de caractéristiques spécifiques qui permettront de caractériser la tumeur et affiner le diagnostic.

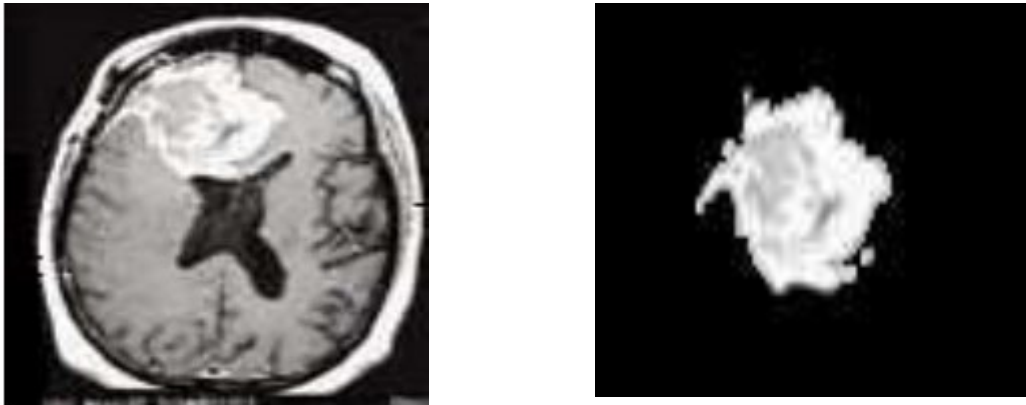


Figure 1.12. Exemple d'extraction d'une tumeur cérébrale à partir d'une image segmentée

Divers algorithmes de segmentation d'images IRM ont été conçus au fil du temps. La figure suivante illustre un exemple de nombre de publications sur la segmentation des tumeurs cérébrales par année.

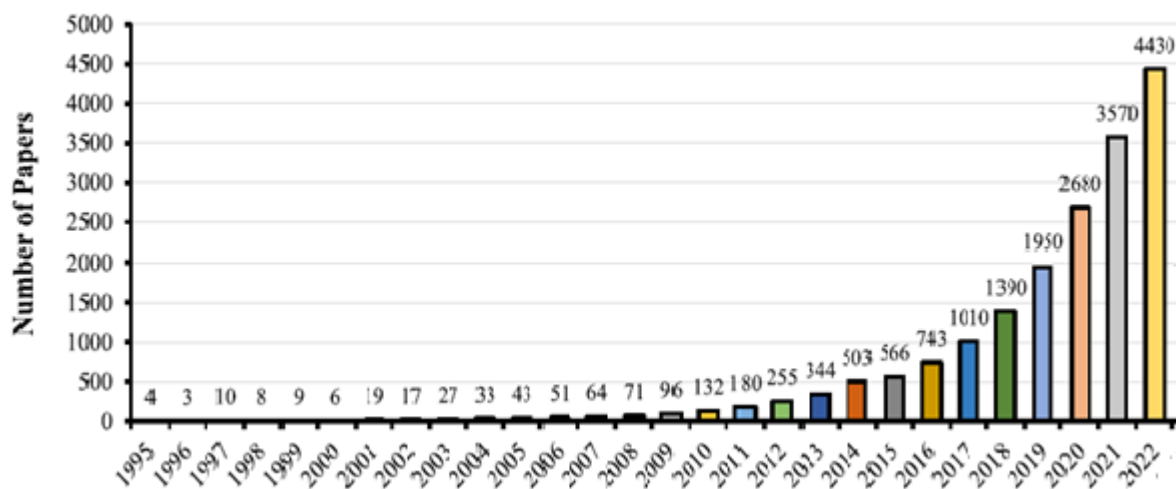


Figure 1.13. Nombre de publications sur la segmentation des tumeurs cérébrales par année (Ahamed et al, 2023)

Shi, et al, (2002) : présentent une méthode de segmentation automatique des structures sous-corticales dans l'IRM cérébrale en utilisant une approche basée sur les moyennes floues. Les auteurs ont testé leur méthode sur des images IRM cérébrales et ont montré qu'elle était efficace pour segmenter les structures sous-corticales telles que le thalamus, le putamen et le noyau caudé.

Zhang et al, (2011) : a proposé une technique BPNN pour distinguer les images normales et aberrantes dans les IRM et pour détecter les cancers du cerveau. Une fois les entités extraites des images à l'aide de la transformation en ondelettes, la PCA est utilisée pour réduire la taille des entités. De plus, une décomposition à 3 niveaux utilisant des ondelettes de Haar a été utilisée pour estimer les coefficients de niveau 3 et réduire les caractéristiques récupérées de 65 536 à 1 024. Pour entraîner le BPNN, un total de 19 composants principaux sont utilisés. Voici la structure du réseau neuronal : dix neurones constituent la couche cachée, dix-neuf nœuds constituent la couche d'entrée et un neurone constitue la couche de sortie. Il y a 66 photos dans l'ensemble de données : 18 sont normales et 48 sont aberrantes. Le classificateur BPNN reçoit les fonctionnalités réduites.

Bhardwaj et al. présentent un état d'art sur la segmentation des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM en utilisant les méthodes de clustering K-moyennes et C-moyennes floues. Les auteurs abordent l'importance de la détection précise des tumeurs cérébrales et de l'application des algorithmes de clustering à cet effet. Divers aspects de la segmentation des tumeurs cérébrales, y compris la détection des pixels de bord pour distinguer les zones affectées par la tumeur, sont mis en évidence.

Les auteurs soulignent les progrès des techniques de clustering K-moyennes et C-moyennes floues pour l'extraction des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. Ils explorent également les potentielles perspectives et les défis dans ce domaine. L'étude se penche sur les propriétés des techniques basées sur le calcul mou pour améliorer le

clustering K-moyennes et C-moyennes floues pour l'analyse d'images IRM, plus particulièrement pour la segmentation des tumeurs cérébrales.

Yang et al, (2015) : ont suggéré une nouvelle méthode d'IRM pour l'identification précoce des tumeurs cérébrales. Pour extraire les caractéristiques, un 2D-DWT à 3 niveaux utilisant des ondelettes de Haar est utilisé. Le processus d'optimisation utilise l'optimisation basée sur la biogéographie (BBO). Une fonction RBF est utilisée comme classificateur utilisant un SVM de type noyau. 92 images IRM T2 (256 x 256 pixels) au total dans l'ensemble de données : 5 images normales et 85 images aberrantes. En utilisant une technique d'énergie d'ondelette à trois niveaux.

Wang et al, (2021) : proposent une étude sur un algorithme de segmentation flou amélioré et son application dans la segmentation d'images cérébrales. Les auteurs présentent une nouvelle méthode d'initialisation des centres de cluster et une fonction objective améliorée pour l'algorithme de segmentation flou. Ils ont également testé la méthode proposée sur des images cérébrales IRM et ont comparé les résultats avec ceux obtenus par l'algorithme de segmentation flou standard. Les résultats montrent que la méthode proposée améliore la précision et l'efficacité de la segmentation d'images cérébrales.

Thahaet al, (2019) : utilisent un réseau neuronal convolutif pour la segmentation. Cette méthode utilise de petits noyaux pour l'architecture profonde du modèle CNN. La normalisation de l'intensité et l'augmentation des données ont été effectuées pour le prétraitement des images. La méthode est testée sur les ensembles de données BRATS 2013 et BRATS 2015.

Abdel Elsamie, et al, (2019) : proposent une approche hybride pour la segmentation de tumeurs cérébrales qui combine le seuillage et le k-means clustering. La méthode proposée est évaluée sur un ensemble de données d'images IRM du cerveau et est comparée à d'autres méthodes de l'état de l'art. Les résultats montrent que la méthode proposée est très précise pour la segmentation de tumeurs cérébrales. Les auteurs concluent que la méthode proposée est efficace pour la segmentation de tumeurs

cérébrales et peut aider au diagnostic et à la planification du traitement des tumeurs cérébrales.

Sheela et al, (2021) : ont proposé une méthode pour segmenter les tumeurs cérébrales dans les images IRM basées sur des sections triangulaires rotatives avec optimisation FCM. Dans un premier temps, l'arrière-plan doit être principalement éliminé par des processus de reconstruction morphologique à deux niveaux suivis d'un seuillage. Pour évaluer les performances de la structure proposée, ils ont utilisé T1, un ensemble de données des images pondérées à contraste amélioré.

5.3. Extraction des caractéristiques

Les tâches de traitement d'images impliquent régulièrement un corpus volumineux, ce qui consomme beaucoup de temps de calcul. Pour remédier, une transformation des données d'entrée en réduisant le nombre de vecteurs de caractéristiques est effectuée. Ce processus est connu sous le nom d'extraction de caractéristiques.

La sélection des caractéristiques est une technique utilisée pour réduire la dimension des données, largement utilisée dans les domaines de l'exploration de données, des statistiques, de la reconnaissance de formes et de l'apprentissage automatique. Lors des opérations, la technique réduit un ensemble de caractéristiques en un sous-ensemble important qui dépendent de certains critères. En règle générale, un ensemble de caractéristiques consomme un grand espace dimensionnel.

Ainsi, il devient nécessaire de supprimer les caractéristiques jugées insignifiantes et d'effectuer une sélection sur les caractéristiques jugées les plus prometteuses pour être utilisées pour discriminer les tumeurs parmi un ensemble de toutes les caractéristiques. Cela s'accompagne du défi inhérent de sélectionner des caractéristiques capables d'améliorer la précision tout en améliorant le temps de recherche. L'extraction des caractéristiques pourrait être accomplie en fonction de la texture, de la forme et d'intensité **(Alzubi et al , 2021)**.

5.3.1. Caractéristiques des textures

L'estimation de la plupart des caractéristiques texturales est effectuée en utilisant les valeurs de niveau de gris de l'image entière ou des régions d'intérêt (ROI) uniquement. Au cours de cette phase accélérée au sein des tumeurs cancéreuses, on assiste au développement d'un nombre croissant de noyaux dans les tissus cancéreux. Il est donc possible de distinguer différents stades du cancer à l'aide des caractéristiques de texture.

5.3.2. Caractéristiques morphologiques

Les caractéristiques reprennent les formes des régions d'intérêt. L'analyse des caractéristiques géométriques des lésions suspectées identifiées à partir des vues d'IRM cérébrale est utile, car cela peut permettre d'envisager positivement la probabilité d'une anomalie et de justifier la nécessité ultérieure de procéder à une biopsie. Outre la densité, la marge, la taille et la forme de la lésion sont essentielles pour définir la probabilité qu'une lésion relève soit d'une tumeur maligne, soit d'une catégorie de masse bénigne.

5.3.3. Caractéristiques d'intensité

Bien que plusieurs visualisations soient construites sur les caractéristiques locales (médiane, mode et variance), les visualisations du retour sur investissement sont généralement construites sur les caractéristiques basées sur l'intensité. Quelles que soient les données ou la classe de vraisemblance, les valeurs des niveaux de gris à l'intérieur d'une région sont représentées par un modèle statistique.

L'histogramme des intensités permet de décrire la structure de la zone, les détails de chaque pixel et d'autres caractéristiques suspectes. En général, des caractéristiques statistiques peuvent être produites à partir de l'histogramme d'une image, telles que la moyenne, la variance, l'asymétrie, l'aplatissement, l'entropie et la capacité (Alzubi et al, 2021).

5.4. Détection et classification des tumeurs dans les images IRM

La classification des images médicales est essentielle pour des nombreuses applications médicales, notamment le diagnostic des maladies, le suivi des progrès du traitement, l'analyse des tissus et la surveillance des organes internes. La classification s'appuie sur des techniques avancées telles que l'intelligence artificielle et l'apprentissage automatique, et nécessite d'apprendre des modèles sur des vastes ensembles d'images médicales correctement classées. Parvenir à une classification correcte des images médicales peut contribuer à améliorer les processus de diagnostic et la prise de décision rapide en matière de soins de santé, et ainsi contribuer à améliorer la qualité des soins et la qualité du traitement. La classification d'images s'appuie sur plusieurs techniques dans le domaine du traitement d'images et de l'intelligence artificielle.

Kande et al, (2019) : ont présenté une méthode de détection de tumeurs cérébrales dans les images de résonance magnétique (IRM). La méthode proposée combine la segmentation en super pixels, l'analyse en composantes principales (ACP) et l'algorithme de classification k-means basé sur des modèles. Tout d'abord, l'image IRM d'entrée est segmentée en super pixels à l'aide de l'algorithme simple linéaire itératif de regroupement (SLIC). Ensuite, l'ACP est appliquée aux super pixels pour réduire la dimensionalité de l'espace de caractéristiques. L'ensemble de caractéristiques réduit est utilisé pour entraîner un algorithme de classification k-means basé sur des modèles, qui est ensuite appliqué aux super pixels pour identifier les régions de tumeurs cérébrales.

Chirodipet al, (2020) : ont utilisé des techniques d'apprentissage en profondeur impliquant des réseaux de neurones profonds. Ils ont incorporé un modèle de réseau de neurones convolutifs pour obtenir des résultats précis issues d'images IRM. Une architecture CNN à 3 couches a été proposée. Un score F égal à 97,33% et une précision égale à 96,05% ont été obtenus.

Yang et al, (2015) : a suggéré une méthode pour l'identification précoce des tumeurs cérébrales. Pour extraire les caractéristiques, un 2D-DWT à 3 niveaux utilisant des ondelettes de Haar est utilisé. Le processus d'optimisation utilise l'optimisation basée sur la biogéographie (BBO). Une fonction RBF est utilisée comme classificateur utilisant un

SVM de type noyau. En utilisant une technique d'énergie d'ondelette à trois niveaux, les caractéristiques sont réduites de 65 536 jusqu'à 10.

6. Conclusion

L'imagerie médicale est un domaine en constante évolution qui joue un rôle crucial dans la pratique médicale moderne. Les progrès technologiques récents ont conduit à une explosion de la quantité de données d'imagerie médicale disponibles, ce qui a créé un besoin urgent de méthodes efficaces pour analyser et interpréter ces données.

Ce chapitre a présenté un aperçu des différentes modalités d'imagerie médicale, telles que la tomographie par ordinateur, l'imagerie par résonance magnétique, l'échographie, la radiographie et la tomographie par émission de positrons. Nous avons discuté des défis et des opportunités associés à l'analyse et à l'interprétation des images médicales, tels que la segmentation, la détection et la classification d'objets, la réduction du bruit et l'amélioration de la qualité d'image.

L'imagerie médicale continuera de jouer un rôle crucial dans la pratique médicale moderne, offrant des informations précieuses pour le diagnostic, la planification de traitement et le suivi de la réponse au traitement. Les progrès technologiques continueront de stimuler l'innovation dans ce domaine, offrant de nouvelles opportunités pour améliorer la santé et le bien-être des patients.

Les applications cliniques des images médicales sont vastes et comprennent le diagnostic, la planification de traitement et le suivi de la réponse au traitement. Les tendances futures dans le domaine de l'imagerie médicale comprennent l'utilisation accrue de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique pour améliorer l'analyse et l'interprétation des images médicales, ainsi que l'intégration de données multimodales pour une évaluation plus complète de l'état de santé du patient.

Chapitre 2 : Etat d'art sur la Segmentation Des Images Médicales

1. Introduction

La segmentation d'images est l'un des processus les plus importants dans l'analyse d'images médicales. Elle consiste à partitionner une image en régions distinctes et homogènes, chacune correspondant à un objet ou à une structure anatomique particulière. La segmentation des images médicales est une tâche complexe et difficile en raison de la variabilité des structures anatomiques, de la présence de bruit et d'artefacts dans les images, ainsi que des différences de contraste et de luminosité.

La segmentation des images médicales a de nombreuses applications cliniques importantes, telles que la détection et la caractérisation des tumeurs, la planification de traitement chirurgical, l'évaluation de la réponse au traitement et le suivi de la progression de la maladie. Elle est également utilisée dans la recherche médicale pour étudier les structures anatomiques et les processus biologiques.

De nombreuses méthodes de segmentation d'images médicales ont été proposées au fil des ans, allant des approches traditionnelles basées sur le seuillage et la région en croissance aux approches plus récentes basées sur l'apprentissage automatique et l'intelligence artificielle. Dans ce chapitre, nous passerons en revue les différentes méthodes de segmentation d'images médicales, leurs avantages et leurs limites, ainsi que les défis et les opportunités associés à cette tâche importante.

2. Définition de la segmentation

La segmentation des images est une tâche fondamentale du traitement d'images. Elle consiste à diviser une image en plusieurs régions, appelées segments, qui correspondent à des objets ou à des parties d'objets.

Il existe de nombreuses méthodes de segmentation des images. Les méthodes les plus courantes sont les suivantes :

- Segmentation par seuillage : cette méthode consiste à choisir un seuil de gris et à affecter chaque pixel de l'image à l'un des deux objets en fonction de sa valeur de gris.
- Segmentation par contours : cette méthode consiste à détecter les contours des objets dans l'image et à utiliser ces contours pour segmenter l'image.
- Segmentation par régions : cette méthode consiste à regrouper les pixels de l'image en régions en fonction de leur similarité.
- Segmentation par clustering : cette méthode consiste à utiliser un algorithme de clustering pour regrouper les pixels de l'image en clusters.

3. Segmentation par seuillage

La segmentation d'images par la méthode de seuillage est une technique de traitement d'images permettant de séparer les objets d'intérêt d'un arrière-plan. La segmentation par seuillage fonctionne en choisissant un seuil de luminosité et en affectant tous les pixels dont la luminosité est supérieure au seuil à l'objet et tous les pixels dont la luminosité est inférieure au seuil au fond (Karim, 2020).

Le choix du seuil de luminosité est important. Un seuil trop élevé peut entraîner la perte d'une partie de l'objet, tandis qu'un seuil trop faible peut entraîner l'inclusion d'une partie du fond dans l'objet.

L'image ci-dessous représente un exemple du processus de seuillage

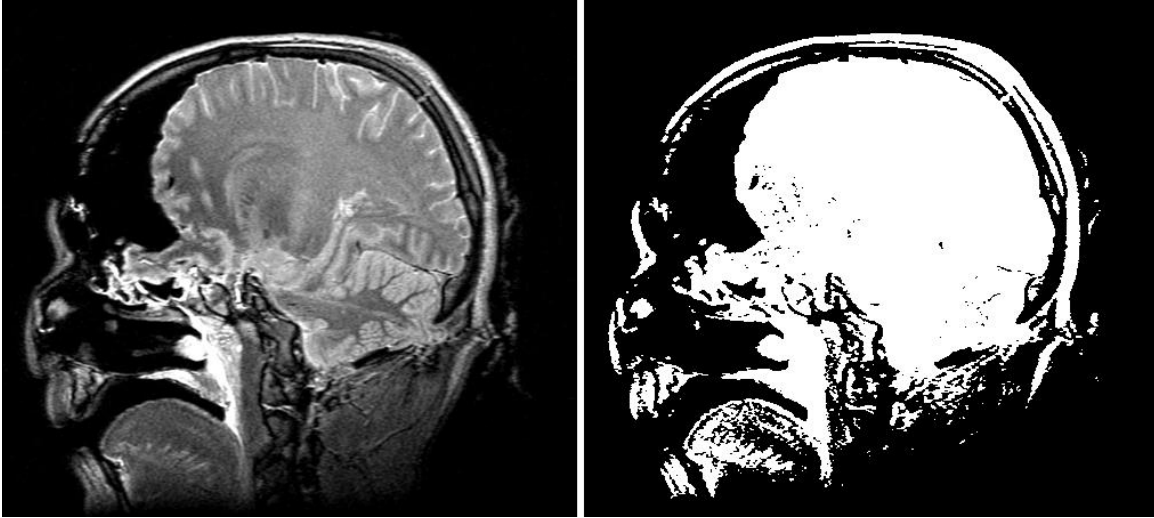


Figure 2.1. Image avant et après seuillage.

Avantages

Les avantages de la segmentation d'images par le seuillage sont les suivants :

- Simplicité : c'est une technique simple à comprendre et à mettre en œuvre.
- Rapidité : c'est une technique rapide à exécuter.
- Efficacité : peut être efficace pour segmenter une variété d'images.

Limites

Les inconvénients de la segmentation d'images par seuillage sont les suivants :

- Sensibilité au bruit : peut être sensible au bruit présent dans l'image.
- Sensibilité aux variations d'éclairage : peut être sensible aux variations d'éclairage présentes dans l'image.
- Difficulté à segmenter des objets complexes : peut être difficile à utiliser pour segmenter des objets complexes.

Il existe plusieurs méthodes pour choisir le seuil de luminosité, notamment :

- La méthode de l'histogramme
- La méthode de l'entropie
- La méthode de l'information

3.1. La méthode de l'histogramme

Cette méthode fonctionne par l'utilisation de l'histogramme de l'image pour déterminer le seuil de luminosité qui sépare les deux pics de l'histogramme.

La méthode de l'histogramme est une méthode simple et efficace pour choisir un seuil de luminosité pour la segmentation par seuillage. Elle est particulièrement utile pour les images qui ont deux pics distincts dans leur histogramme.

Avantages

- Simplicité et efficacité
- Robustesse au bruit et aux variations d'éclairage
- Adaptabilité à différents types d'images

Inconvénients

- Peut ne pas fonctionner correctement pour les images qui n'ont pas deux pics distincts dans leur histogramme
- Peut être sensible au choix de la méthode de calcul de l'histogramme

3.2. La méthode de l'entropie

La méthode de l'entropie fonctionne par le calcul de l'entropie de l'image pour différents seuils de luminosité et en choisissant le seuil de luminosité qui maximise l'entropie.

L'entropie est une mesure de la quantité d'information contenue dans une image. Une image avec une entropie élevée contient beaucoup d'informations, tandis qu'une image avec une entropie faible contient peu d'informations.

La méthode de l'entropie fonctionne en calculant l'entropie de l'image pour différents seuils de luminosité. Le seuil de luminosité qui maximise l'entropie est choisi comme étant le seuil optimal.

Avantages

- L'efficacité pour les images avec une distribution de luminosité complexe
- La robustesse au bruit et aux variations d'éclairage

- L'adaptabilité à différents types d'images

Inconvénients

- La complexité de calcul
- La sensibilité au choix de la méthode de calcul de l'entropie

3.3. La méthode de l'information mutuelle

La méthode de l'information mutuelle fonctionne par le calcul de l'information mutuelle entre l'image et sa version binaire pour différents seuils de luminosité et en choisissant le seuil de luminosité qui maximise l'information mutuelle.

L'information mutuelle est une mesure de la dépendance entre deux variables aléatoires. Une information mutuelle élevée indique que les deux variables sont fortement dépendantes, tandis qu'une information mutuelle faible indique que les deux variables sont faiblement dépendantes.

La méthode de l'information mutuelle fonctionne en calculant l'information mutuelle entre l'image et sa version binaire pour différents seuils de luminosité. Le seuil de luminosité qui maximise l'information mutuelle est choisi comme étant le seuil optimal.

Avantages

- Efficace pour les images avec une distribution de luminosité complexe
- Robuste au bruit et aux variations d'éclairage
- Adaptable à différents types d'images

Inconvénients

- La complexité de calcul
- La sensibilité au choix de la méthode de calcul de l'information mutuelle

Le seuillage est utilisé pour le prétraitement d'image, mais l'échelle de gris des tissus ne peut pas être limitée à une seule plage. Cela signifie que si nous utilisons simplement le seuillage pour localiser les tissus, il se peut que toutes les parties ne soient pas séparées. Deuxièmement, le seuillage ne prend pas généralement en compte les propriétés spatiales de l'image. Par exemple, le crâne est une structure circulaire qui recouvre d'autres tissus.

Cela peut nous aider à localiser le tissu et à obtenir des images de segmentation plus précises. En conséquence, le seuillage est souvent considéré comme un processus d'image séquentielle à un stade précoce.

4. Segmentation par contour

La segmentation par contours est une méthode de segmentation des images qui consiste à détecter les contours des objets dans l'image et à utiliser ces contours pour segmenter l'image. Le contour est l'ensemble des pixels d'une image numérique qui correspond à un changement brusque de l'intensité lumineuse. Plusieurs techniques sont utilisées pour trouver les emplacements où se produisent les changements brusques de luminosité dans les images numériques (Swarnalakshmi,2014).

Avantages

La segmentation par contours présente plusieurs avantages par rapport à d'autres méthodes de segmentation d'images :

- Précision : la segmentation par contours est une méthode de segmentation très précise. Elle permet de segmenter des objets complexes avec des contours irréguliers.
- Robustesse : la segmentation par contours est une méthode de segmentation robuste. Elle est peu sensible au bruit et aux variations d'éclairage.
- Simplicité : la segmentation par contours est une méthode de segmentation simple à comprendre et à mettre en œuvre.

Limites

La segmentation par contours présente également quelques inconvénients :

- Elle peut être sensible aux contours incomplets ou bruités.
- Elle peut être difficile à utiliser pour segmenter des objets qui se chevauchent.

La détection des contours peut être effectuée à l'aide des différents opérateurs, tels que le gradient de Sobel, le gradient de Prewitt, le Laplacien et le gradient de Canny.

4.1. Détection de contours par le gradient de Sobel et Prewitt

La détection de contours par le gradient est une méthode simple et efficace pour détecter les contours dans une image. Il s'agit d'un filtre spatial qui calcule le gradient de l'intensité d'une image. Le gradient est une mesure de la variation de l'intensité d'une image dans une direction donnée.

Le gradient est calculé à l'aide de deux filtres, un pour le gradient horizontal et un pour le gradient vertical. Ces filtres sont des matrices de poids qui sont multipliées par les pixels d'une image. Le résultat est un ensemble de valeurs qui représentent le gradient de l'intensité dans chaque direction.

Les valeurs du gradient sont ensuite utilisées pour détecter les contours. Les contours sont généralement définis comme des points où le gradient est élevé. Ces points sont ensuite reliés par des lignes pour former les contours de l'image.

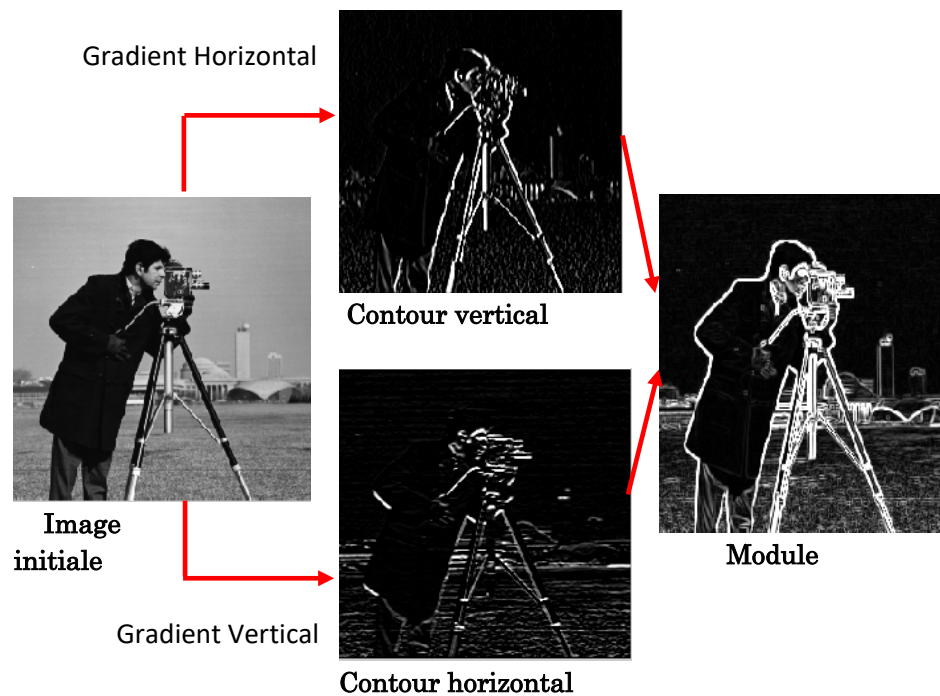


Figure 2.2.Exemple de détection de contours par approche gradient

4.2. Détection de contours par Laplacien

La détection de contours par Laplacien est une méthode de détection de contours qui utilise l'opérateur Laplacien pour détecter les discontinuités dans l'intensité d'une image. L'opérateur Laplacien est une opération mathématique qui calcule la deuxième dérivée d'une image. La détection de contours par Laplacien peut être réalisée en convoluant l'image avec le noyau Laplacien. Cela produit une nouvelle image dans laquelle les contours sont mis en évidence.

La détection de contours par Laplacien est une méthode simple et efficace qui peut être utilisée pour détecter des contours dans des images de différentes modalités. Elle est particulièrement efficace pour détecter des contours dans des images médicales, telles que des images de radiographie ou d'IRM.

4.3. Détection de contours par la méthode de Canny

La détection de contours par Canny est un algorithme de traitement d'image utilisé pour détecter les contours des objets dans une image. Il a été développé par John Canny en 1986 (Canny, 1986).

L'algorithme de Canny fonctionne en plusieurs étapes :

- Lissage de l'image : l'image est lissée à l'aide d'un filtre gaussien pour réduire le bruit et les détails fins.
- Calcul du gradient : le gradient de l'image est calculé à l'aide d'un filtre de Sobel.
- Suppression des non-maxima : les pixels qui ne sont pas des maxima locaux du gradient sont supprimés. Cela permet de réduire le nombre de contours détectés et de se débarrasser des contours parasites.
- Seuillage : les pixels restants sont seuillés pour ne conserver que les contours forts.
- Hystérésis : l'hystérésis est utilisée pour relier les contours faibles aux contours forts. Cela permet de s'assurer que les contours détectés sont continus et cohérents.

L'algorithme de Canny est particulièrement efficace pour détecter les contours d'objets dans des images bruitées ou mal éclairées.

Avantages

L'algorithme de Canny présente plusieurs avantages par rapport aux autres algorithmes de détection de contours :

- L'efficacité : la méthode de Canny est un algorithme efficace pour la détection de contours. Elle est capable de détecter les contours de manière rapide et précise.
- La robustesse : la méthode de Canny est robuste au bruit et aux variations d'éclairage. Elle est capable de détecter les contours même dans des images bruitées ou mal éclairées.
- La simplicité : la méthode de Canny est un algorithme simple à implémenter. Elle ne nécessite pas de connaissances approfondies en traitement d'images.

Limites

- La sensibilité aux paramètres : la méthode de Canny est sensible aux paramètres du filtre gaussien et des seuils. Le choix de ces paramètres peut affecter la qualité des contours détectés.
- La détection de contours incomplets : la méthode de Canny peut ne pas détecter les contours incomplets ou les contours qui sont interrompus par du bruit.
- La détection de contours parasites : la méthode de Canny peut détecter des contours parasites, en particulier dans les images avec beaucoup de bruit ou de détails fins.

5. Segmentation par régions

La segmentation par régions est une technique de segmentation d'image qui consiste à diviser une image en régions homogènes. Les régions homogènes sont définies par des critères tels que la couleur, la texture ou la luminosité.

La segmentation par régions peut être effectuée de différentes manières. L'une des méthodes les plus courantes est la méthode de croissance de régions. Cette méthode

commence par initialiser un ensemble de régions, puis étend progressivement ces régions en ajoutant des pixels voisins qui sont similaires aux pixels déjà présents dans la région. Une autre méthode de segmentation par régions est la méthode de fusion de régions. Cette méthode commence par initialiser un ensemble de régions, puis fusionne progressivement ces régions en fonction de leur similarité.

La segmentation par régions est une technique efficace pour segmenter des images qui contiennent des objets bien définis et des arrière-plans relativement uniformes. Elle est souvent utilisée pour segmenter des images médicales, des images aériennes et des images de télédétection.

Avantages

La segmentation par régions présente plusieurs avantages par rapport aux autres techniques de segmentation d'image :

- Elle est relativement simple à implémenter.
- Elle est robuste aux variations de luminosité et de contraste.
- Elle est capable de segmenter des images qui contiennent des objets de différentes tailles et formes.

Limites

Elle peut rencontrer des difficultés lorsque l'image est complexe, par exemple lorsqu'elle contient :

- Des objets qui se chevauchent ou qui sont très proches les uns des autres.
- Des objets qui ont des formes complexes ou des contours irréguliers.
- Des objets qui ont des couleurs ou des textures similaires à l'arrière-plan.
- Des images qui contiennent du bruit ou des artefacts.

Dans ces cas, la segmentation par régions peut produire des résultats incorrects ou incomplets.

5.1. Segmentation par croissance de région

La croissance de région est une méthode de segmentation d'image qui fonctionne en regroupant les pixels en régions en fonction de leur similarité. La croissance de région commence par un ensemble de graines, qui sont des pixels qui sont connus pour appartenir à une région particulière. Les graines sont ensuite étendues pour inclure les pixels voisins qui sont similaires aux graines. Le processus se poursuit jusqu'à ce que toutes les graines aient été étendues et que tous les pixels de l'image aient été affectés à une région.

La similarité entre les pixels peut être mesurée à l'aide de différentes métriques, telles que la distance euclidienne ou la distance de Manhattan. La métrique de similarité doit être choisie en fonction de la nature de l'image et de l'objectif de la segmentation.

La croissance de région peut être utilisée avec des images en niveaux de gris ou avec des images en couleurs. Pour les images en couleurs, la croissance de région peut être appliquée à chaque canal de couleur séparément.

Voici quelques avantages et inconvénients de la croissance de région :

Avantages

- Simple et efficace
- La robustesse au bruit et aux variations d'éclairage
- L'adaptabilité à différents types d'images

Inconvénients

- La sensibilité au choix des graines
- La production des régions mal segmentées si les graines d'initialisation ne sont pas bien choisies

5.2. Segmentation par division

La segmentation par division est une méthode de segmentation d'image qui fonctionne en divisant l'image en régions de plus en plus petites jusqu'à ce que chaque région ne

contienne qu'un seul pixel. La segmentation par division commence par diviser l'image en deux régions égales. Les deux régions sont ensuite divisées en deux régions égales, et ainsi de suite. Le processus se poursuit jusqu'à ce que chaque région ne contienne qu'un seul pixel.

La segmentation par division est une méthode de segmentation d'image simple et efficace.

Avantages

- Simple et efficace
- La robustesse au bruit et aux variations d'éclairage
- L'adaptabilité à différents types d'images

Inconvénients

- Peut produire des régions mal segmentées si l'image contient des objets de tailles très différentes
- Peut-être lente pour les images de grande taille

5.3. Segmentation par division-fusion

La segmentation par division-fusion est une méthode de segmentation d'image qui combine les avantages de la segmentation par division et de la segmentation par fusion.

La segmentation par division-fusion commence par diviser l'image en deux régions égales. Les deux régions sont ensuite divisées en deux régions égales, et ainsi de suite. Le processus se poursuit jusqu'à ce que chaque région ne contienne qu'un seul pixel.

Les régions sont ensuite fusionnées en fonction de leur similarité. Les régions qui sont similaires sont fusionnées en une seule région. Le processus de fusion se poursuit jusqu'à ce qu'il ne reste plus qu'une seule région.

Avantages

- Efficacité et robustesse
- Adaptabilité à différents types d'images
- Production de régions bien segmentées

Inconvénients

- Complexité de calcul
- Sensibilité au choix des paramètres de division et de fusion

6. Segmentation par clustering

La segmentation des images par clustering est une technique de segmentation d'image qui consiste à utiliser un algorithme de clustering pour regrouper les pixels de l'image en clusters. Les pixels qui appartiennent à un même cluster sont considérés comme étant similaires, tandis que les pixels qui appartiennent à des clusters différents sont considérés comme étant différents.

La segmentation d'images par clustering est une technique simple et efficace qui peut être utilisée pour segmenter des images de manière rapide et précise. Elle est souvent utilisée pour segmenter des images qui contiennent des objets bien définis et des arrière-plans relativement uniformes.

Le clustering est basée sur une approche non supervisée dans laquelle les modèles ne sont pas supervisés à l'aide d'un ensemble de données d'apprentissage.

Où les méthodes de segmentation classique telle que le k-means ou le FCM sont parmi les méthodes plus utiliser dans la segmentation des images médicales. Ces algorithmes visent à minimiser les fonctions objectives pour attribuer des clusters aux centres.

6.1. Algorithme k-means

L'algorithme k-means est un algorithme de clustering simple et efficace qui est souvent utilisé pour segmenter des images et détecter des objets. L'algorithme k-means fonctionne en plusieurs étapes :

- **Initialisation** : l'algorithme k-means est initialisé avec un ensemble de k centres, qui sont des points représentant les centres des clusters. Les centres peuvent être initialisés de manière aléatoire en utilisant une méthode heuristique.
- **Affectation** : chaque point de données est affecté au centre le plus proche.

- **Mise à jour** : les centres sont mis à jour en calculant la moyenne des points de données qui leur sont affectés.
- **Répétition** : les étapes 2 et 3 sont répétées jusqu'à ce que les centres ne changent plus.

Une fois que l'algorithme k-means a convergé, les points de données sont regroupés en k clusters, qui sont représentés par les centres.

Avantages

L'algorithme k-means présente plusieurs avantages :

- Il est simple à implémenter.
- Il est efficace pour segmenter des images et détecter des objets.
- Il est robuste au bruit et aux valeurs aberrantes.

Limites

L'algorithme k-means présente également quelques inconvénients :

- Il est sensible au choix des centres initiaux.
- Il peut ne pas converger vers une solution optimale.
- Il ne peut pas détecter des clusters de formes complexes.

6.2. Algorithme FCM

L'algorithme FCM (Fuzzy C-Means) est un algorithme de clustering flou qui est utilisé pour regrouper des données en clusters (Bezdek et al., 1984). L'algorithme FCM est une extension de l'algorithme k-means, qui est un algorithme de clustering dur. Chaque point a une probabilité d'appartenir à plusieurs clusters avec un pourcentage de 0 à 100%, plutôt qu'un seul cluster comme c'est le cas dans le k-means traditionnelle. Cela peut être très puissant par rapport au clustering traditionnel à seuil strict où chaque point se voit attribuer une étiquette claire et exacte.

Chaque point a un score ou degré d'appartenance à un cluster. Ainsi, les points situés loin du centre d'un cluster pourront avoir des scores d'appartenance faibles et être considérés comme dans le cluster à un degré moindre que les points au centre du cluster.

L'algorithme FCM fonctionne en plusieurs étapes :

- **Initialisation** : l'algorithme FCM est initialisé avec un ensemble de c centroïdes, qui sont des points représentant les centres des clusters. Les centroïdes peuvent être initialisés de manière aléatoire ou en utilisant une méthode heuristique.
- **Calcul des degrés d'appartenance** : pour chaque point de données, l'algorithme FCM calcule un degré d'appartenance à chaque cluster. Le degré d'appartenance d'un point de données à un cluster est une valeur comprise entre 0 et 1, qui indique la probabilité que le point de données appartienne au cluster.
- **Mise à jour des centres** : les centres sont mis à jour en calculant la moyenne pondérée des points de données, où les poids sont les degrés d'appartenance des points de données aux clusters.
- **Répétition** : les étapes 2 et 3 sont répétées jusqu'à ce que les centres ne changent plus.

Une fois que l'algorithme FCM a convergé, les points de données sont regroupés en K clusters, qui sont représentés par les centres.

Le pseudocode de l'algorithme FCM est :

Algorithme FCM

Initialiser : C : nombre de clusters, m :degré of fuzzification ($m > 1$), ϵ : valeur epsilon.

Initialiser aléatoirement les centres des clusters C

Commencer par l'itération $k=1$.

Répéter

Calculer l'appartenance $u_{ij}^{(k)}$ utilisant les centres $c_i^{(k-1)}$:

$$u_{ij} = 1 / \sum_{k=1}^c \left(\frac{d_{ij}}{d_{kj}} \right)^{\frac{2}{m-1}}$$

Calculer matrice d'appartenance $U^{(k)} = [u_{ij}]_{c \times n}$ utilisant l'appartenance $u_{ij}^{(k)}$.

Mise à jour des centres $c_i^{(k)}$ utilisant $u_{ij}^{(k)}$

$$c_i = \frac{\sum_{j=1}^n u_{ij}^m x_j}{\sum_{j=1}^n u_{ij}^m}$$

Jusqu'à $\| U^{(k+1)} - U^{(k)} \| < \epsilon$

Retourner $c^{(k)}$

Avantages

L'algorithme FCM présente plusieurs avantages par rapport à l'algorithme k-means :

- Il permet de gérer les données qui appartiennent à plusieurs clusters.
- Il est plus robuste au bruit et aux valeurs aberrantes.
- Il peut détecter des clusters de formes complexes.

Limites

L'algorithme FCM présente également quelques inconvénients :

- Il est plus complexe à implémenter que l'algorithme k-means.
- Il est plus lent que l'algorithme k-means.

6.3. Limites des algorithmes de clustering classique

Les algorithmes de clustering classiques, tels que k-means et FCM, présentent un certain nombre de limites :

- Sensibilité au choix des paramètres : les algorithmes de clustering classiques sont sensibles au choix des paramètres, tels que le nombre de clusters et les critères de similarité. Le choix des paramètres inappropriés peut conduire à des résultats de clustering médiocres.

- Difficulté à détecter les clusters de formes complexes : les algorithmes de clustering classiques peuvent avoir des difficultés à détecter des clusters de formes complexes, telles que les clusters qui se chevauchent ou qui ont des formes irrégulières.
- Incapacité à gérer des données bruitées : les algorithmes de clustering classiques peuvent être sensibles au bruit et aux valeurs aberrantes. Les données bruitées peuvent conduire à des résultats de clustering incorrects.
- Complexité algorithmique : les algorithmes de clustering classiques peuvent être complexes à implémenter et peuvent être lents à converger, surtout pour les données de grande taille.

Ces limites dans les algorithmes de clustering classiques ont motivé le développement des nouvelles méthodes de clustering, telles que le clustering hiérarchique, le clustering spectral et le clustering par apprentissage profond. Ces nouvelles méthodes de clustering sont plus robustes aux paramètres, peuvent détecter des clusters de formes complexes, sont capables de gérer des données bruitées et sont plus efficaces pour les données de grande taille.

6.4. Recherche du nombre optimal de clusters

La recherche du nombre optimal de clusters est une étape importante dans le processus de clustering d'images. Le nombre de clusters doit être suffisamment grand pour capturer les différentes structures des pixels, mais pas trop grand pour éviter la sur segmentation. Il existe plusieurs méthodes pour rechercher le nombre optimal de clusters dans une image :

- **La méthode du coude (Elbow)**: la méthode du coude consiste à tracer le coude de la courbe de la somme des carrés des distances entre les points de données et les centres des clusters en fonction du nombre de clusters. Le nombre optimal de clusters est le nombre de clusters pour lequel la courbe présente un coude.
- **La méthode de la silhouette** : la méthode de la silhouette consiste à calculer la silhouette de chaque point de données. La silhouette d'un point de données est une

mesure de la similarité du point de données à son propre cluster par rapport à sa similarité aux autres clusters. Le nombre optimal de clusters est le nombre de clusters pour lequel la silhouette moyenne est la plus élevée.

- **La méthode de l'entropie** : la méthode de l'entropie consiste à calculer l'entropie de la distribution des points de données dans les clusters. L'entropie est une mesure de la diversité des points de données dans les clusters. Le nombre optimal de clusters est le nombre de clusters pour lequel l'entropie est la plus faible.
- **La méthode de la validation croisée** : la méthode de la validation croisée consiste à diviser l'ensemble de données en plusieurs sous-ensembles. Chaque sous-ensemble est utilisé pour entraîner un modèle de clustering, et le modèle est ensuite évalué sur les autres sous-ensembles. Le nombre optimal de clusters est le nombre de clusters pour lequel la performance moyenne du modèle de clustering sur les sous-ensembles est la plus élevée.

Il n'existe pas de méthode universelle pour rechercher le nombre optimal de clusters. La méthode la plus appropriée dépend de la nature des données et de l'objectif du clustering.

6.4.1. La méthode de Coude

La méthode du coude est une méthode pour déterminer le nombre optimal de clusters dans un ensemble de données. La méthode du coude consiste à tracer le coude de la courbe de la somme des carrés des distances entre les points de données et les centres des clusters en fonction du nombre de clusters. Le nombre optimal de clusters est le nombre de clusters pour lequel la courbe présente un coude. Dans la figure 2.5 on remarque bien qu'il y'a un point d'inflexion très évident lorsque $K = 2$, alors on conclut que le nombre optimal de cluster est 2.

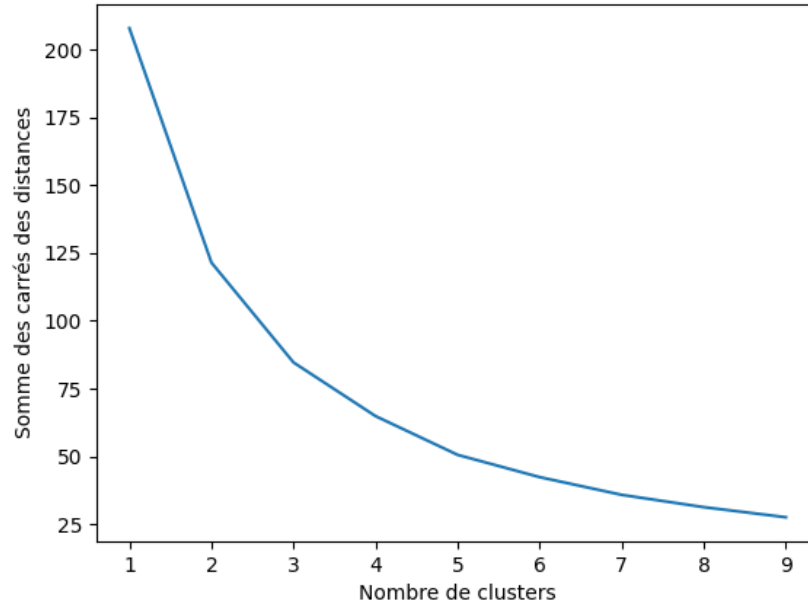


Figure 2.5. Nombre optimal de clusters pour K-means par la méthode de coude

La méthode du coude est une méthode simple et efficace pour déterminer le nombre optimal de clusters dans un ensemble de données. Cependant, la méthode du coude peut être sensible au choix de la mesure de distance et au bruit dans les données.

6.4.2. Méthode de silhouette

La méthode de la silhouette est une méthode pour évaluer la qualité d'un clustering. La méthode de la silhouette consiste à calculer la silhouette de chaque point de données. La silhouette d'un point de données est une mesure de la similarité du point de données à son propre cluster par rapport à sa similarité aux autres clusters. La silhouette moyenne est une mesure de la qualité du clustering. Une silhouette moyenne élevée indique que le clustering est de bonne qualité. Une silhouette moyenne faible indique que le clustering est de mauvaise qualité.

Dans cet exemple, la silhouette moyenne est de 0,6. Cela indique que le clustering est de bonne qualité.

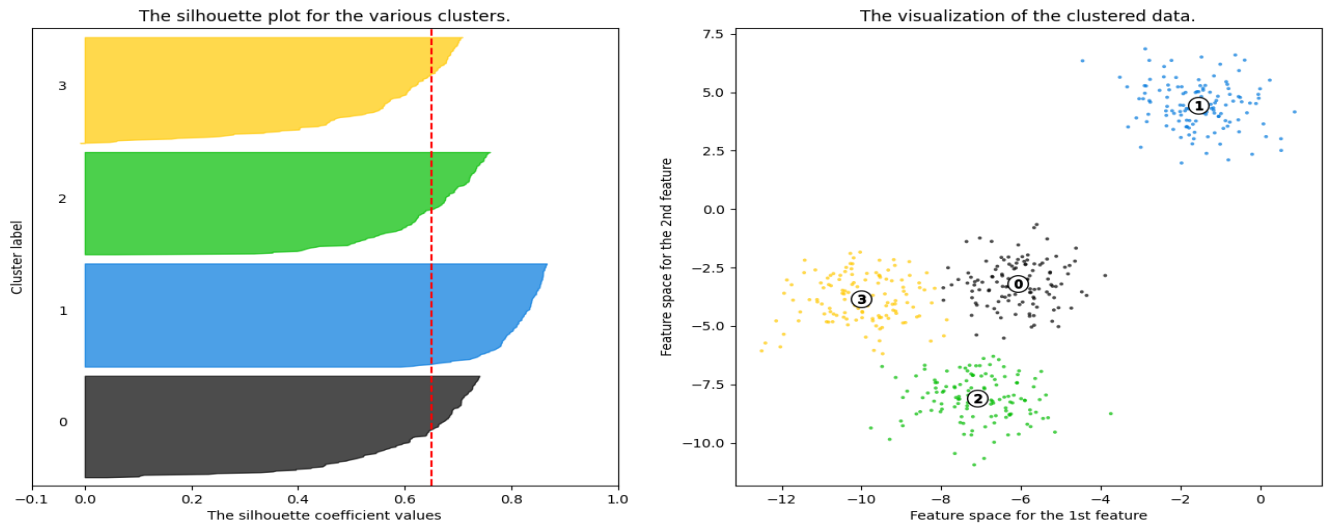


Figure 2.6. Nombre optimal de clusters pour K-means par la méthode de silhouette

6.4.3. Méthode de l'entropie

La méthode de l'entropie est une méthode pour déterminer le nombre optimal de clusters dans un ensemble de données. La méthode de l'entropie consiste à calculer l'entropie de la distribution des points de données dans les clusters. L'entropie est une mesure de la diversité des points de données dans les clusters. Le nombre optimal de clusters est le nombre de clusters pour lequel l'entropie est la plus faible.

Dans cet exemple, l'entropie est la plus faible pour $k = 3$. Par conséquent, le nombre optimal de clusters dans cet ensemble de données est de 3.

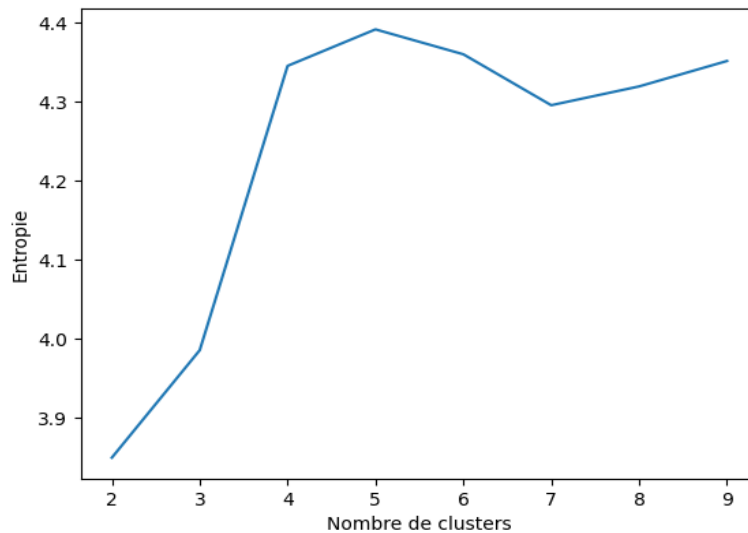


Figure 2.7. Nombre optimal de clusters pour K-means par la méthode d'entropie

6.4.4. Méthode de la validation croisée

La méthode de la validation croisée est une méthode pour évaluer la performance d'un modèle de clustering. La méthode de la validation croisée consiste à diviser l'ensemble de données en plusieurs sous-ensembles. Chaque sous-ensemble est utilisé pour entraîner un modèle de clustering, et le modèle est ensuite évalué sur les autres sous-ensembles.

Les étapes de la méthode de la validation croisée sont :

- Diviser l'ensemble de données en k sous-ensembles.
- Pour chaque sous-ensemble :
- Entraîner un modèle de clustering sur les autres sous-ensembles.
- Évaluer le modèle de clustering sur le sous-ensemble.
- Calculer la performance moyenne du modèle de clustering sur tous les sous-ensembles.

La performance moyenne du modèle de clustering est une estimation de la performance du modèle sur de nouvelles données.

6.4.5. Algorithme statistique d'écart

L'algorithme statistique d'écart est un algorithme de clustering qui utilise une mesure statistique de l'écart pour déterminer le nombre optimal de clusters dans un ensemble de données. L'algorithme statistique d'écart fonctionne en calculant la valeur de l'écart pour différents nombres de clusters et en choisissant le nombre de clusters pour lequel la valeur de l'écart est la plus élevée.

La valeur de l'écart est une mesure de la dispersion des données dans les clusters. Une valeur de l'écart élevée indique que les données sont bien séparées en clusters, tandis qu'une valeur de l'écart faible indique que les données sont mal séparées en clusters.

Les étapes de l'algorithme statistique d'écart sont :

- Choisir une mesure de distance entre les points de données.
- Calculer la distance entre chaque point de données et tous les autres points de données.
- Calculer la valeur de l'écart pour différents nombres de clusters.

- Choisir le nombre de clusters pour lequel la valeur de l'écart est la plus élevée.

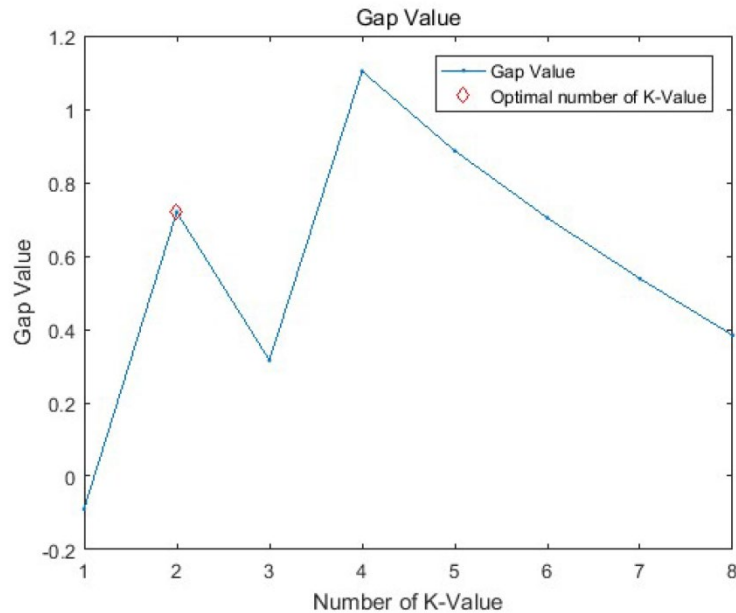


Figure 2.8. Nombre optimal de cluster par la méthode statistique d'écart

6.5. Le problème du minima local

Le problème du minima local est un problème qui peut survenir dans les algorithmes de clustering basés sur l'optimisation, tels que k-means. Le problème du minima local se produit lorsque l'algorithme converge vers une solution locale qui n'est pas la solution globale optimale.

Le problème du minima local peut être causé par plusieurs facteurs, notamment :

- Le choix des centres initiaux : le choix des centres initiaux peut avoir un impact significatif sur la solution finale de l'algorithme de clustering. Si les centres initiaux sont proches d'un minima local, l'algorithme peut converger vers ce minima local au lieu de la solution globale optimale.
- La forme des clusters : la forme des clusters peut également affecter la probabilité que l'algorithme de clustering converge vers un minima local. Les clusters de forme complexe sont plus susceptibles de contenir des minima locaux que les clusters de forme simple.

- Le nombre de clusters : le nombre de clusters peut également affecter la probabilité que l'algorithme de clustering converge vers un minima local. Un nombre de clusters élevé est plus susceptible de conduire à des minima locaux qu'un nombre de clusters faible.

Il existe plusieurs techniques pour éviter le problème du minima local dans les algorithmes de clustering basés sur l'optimisation :

- Initialisation multiple : l'initialisation multiple consiste à initialiser l'algorithme de clustering avec plusieurs ensembles de centroïdes initiaux différents. Cela permet d'augmenter les chances que l'algorithme converge vers la solution globale optimale.
- Perturbation des centroïdes initiaux : la perturbation des centroïdes initiaux consiste à ajouter une petite quantité de bruit aux centroïdes initiaux. Cela permet d'éviter que l'algorithme converge vers un minima local.

7. Conclusion

L'exploration de diverses méthodes de segmentation d'images dans ce chapitre souligne la diversité et la complexité des techniques utilisées pour extraire des informations significatives à partir d'images numériques. Des approches classiques telles que les méthodes de seuillage et basées sur les régions aux algorithmes plus sophistiqués tels que ces algorithmes améliorés utilisant des techniques inspirées de la nature, chaque méthode a ses forces et ses limites. Le chapitre a souligné l'importance de sélectionner la méthode de segmentation appropriée en fonction des caractéristiques des images et des objectifs spécifiques de l'analyse. Bien que des techniques simples puissent suffire pour certaines applications, la demande croissante de précision et de robustesse a conduit au développement des méthodes avancées qui exploitent l'apprentissage automatique et les réseaux neuronaux profonds. De plus, les recherches et l'évolution en cours dans le domaine suggèrent un avenir prometteur pour la segmentation d'images, avec le potentiel d'approches plus hybrides combinant les atouts de différentes méthodes. À mesure que la technologie progresse, il sera crucial de relever des défis tels que la gestion

des divers types d'images, l'amélioration de l'efficacité informatique et l'amélioration de l'interprétabilité pour poursuivre les progrès des méthodologies de segmentation d'images. En résumé, la diversité des méthodes de segmentation d'images présentées dans ce chapitre reflète la nature dynamique du domaine, offrant une base permettant aux chercheurs et aux praticiens de choisir et d'adapter les techniques en fonction des exigences spécifiques de leurs applications.

Chapitre 3 : Taxonomie des algorithmes bio-inspirés

1. Introduction

L'optimisation par les algorithmes bio-inspirés est un domaine de recherche en constante évolution qui offre des solutions prometteuses pour résoudre des problèmes d'optimisation complexes. Les algorithmes bio-inspirés ont démontré leur efficacité dans divers domaines d'application et continuent d'être une source d'inspiration pour le développement de nouvelles méthodes d'optimisation innovantes.

Les méthodes d'optimisation traditionnelles peuvent parfois échouer à trouver des solutions optimales, en particulier lorsqu'il s'agit de problèmes d'optimisation combinatoire ou de problèmes d'optimisation continue non linéaires. Dans ce contexte, les algorithmes bio-inspirés ont émergé comme une alternative prometteuse pour résoudre ces problèmes d'optimisation complexes.

Les algorithmes bio-inspirés sont des méthodes d'optimisation qui s'inspirent de processus naturels tels que l'évolution, le comportement animal ou les systèmes immunitaires. Ces algorithmes utilisent des principes biologiques pour explorer l'espace de recherche et trouver des solutions optimales. Les algorithmes bio-inspirés les plus couramment utilisés comprennent l'algorithme génétique, l'optimisation par colonie de fourmis, l'optimisation par essaim particulaire, l'algorithme des chauves-souris et l'algorithme des loups.

Dans ce chapitre, nous explorons les différentes catégories des algorithmes bio-inspirés. Cette exploration nous invite à approfondir notre compréhension des mécanismes biologiques sous-jacents à ces algorithmes, ainsi qu'à explorer de nouvelles avenues pour leur application dans divers domaines. La taxonomie des algorithmes bio-inspirés offre un cadre essentiel pour guider la recherche et le développement futurs dans ce domaine passionnant et en évolution constante.

2. Concepts et définitions

2.1. Optimisation

L'optimisation est un domaine d'étude qui cherche à trouver la meilleure solution possible parmi un ensemble de possibilités ou des choix disponibles pour résoudre un problème donné, en utilisant des techniques mathématiques et informatiques. Plus précisément, l'optimisation consiste à trouver la valeur optimale d'une fonction objective, qui peut être maximisée ou minimisée, sous certaines contraintes.

Les problèmes d'optimisation sont omniprésents dans de nombreux domaines, tels que l'ingénierie, l'économie, la logistique, la finance, la physique, la chimie, la biologie, etc.

Les techniques d'optimisation peuvent être classées en deux catégories principales : l'optimisation déterministe et l'optimisation stochastique.

- L'optimisation déterministe cherche à trouver la solution optimale exacte pour un problème donné, en utilisant des algorithmes mathématiques et des méthodes numériques.
- L'optimisation stochastique, en revanche, cherche à trouver une solution approximative pour un problème donné, en utilisant des méthodes probabilistes et des algorithmes heuristiques.

2.2. Les techniques heuristiques

Les heuristiques sont des méthodes de résolution de problèmes par des algorithmes approximatifs. Il s'agit d'approches qui ne garantissent pas forcément une solution optimale et sont en fait imparfaites, mais qui sont suffisantes pour atteindre une solution "praticable" en un temps raisonnable, c'est-à-dire une solution suffisamment bonne et probablement utile et exacte pour la majorité des cas. En revanche, elles peuvent ne pas fonctionner dans certains cas, ou introduire systématiquement des erreurs dans d'autres. Les méthodes utilisées comprennent des compromis pragmatiques, des règles empiriques (utilisation d'approximations basées sur des connaissances antérieures dans des situations similaires), une approche essai-erreur, un processus d'élimination, des

suppositions et des approximations acceptables/satisfaisantes. Le principal avantage est que les approches heuristiques ont généralement un coût de calcul nettement inférieur, et leurs principaux défauts sont qu'elles dépendent généralement d'un problème particulier (c'est-à-dire qu'elles ne sont pas applicables universellement) et que leur précision peut être assez faible dans certains cas, tout en n'offrant intrinsèquement aucun moyen d'estimer cette précision. A titre d'exemples des algorithmes heuristiques nous pouvons citer :

- L'algorithme "diviser pour régner" (divide and conquer) est une approche de conception d'algorithmes récursifs qui consiste à diviser un problème en sous-problèmes plus petits, à résoudre ces sous-problèmes de manière récursive, puis à combiner les solutions pour obtenir une solution au problème d'origine (Cormen, 2010).
- L'algorithme de recherche à l'aveugle est une méthode de recherche utilisée en intelligence artificielle pour explorer un espace de recherche sans aucune connaissance préalable de l'environnement. L'algorithme explore l'espace de recherche en générant des successeurs de l'état courant jusqu'à ce qu'il atteigne l'état souhaité (Russel, 2010).
- L'algorithme glouton (greedy algorithm) est une méthode de résolution de problèmes d'optimisation qui consiste à faire le choix localement optimal à chaque étape dans l'espoir d'obtenir une solution globale optimale (Cormen, 2010).

2.3. Les techniques méta-heuristique

Les méta-heuristiques représentent une généralisation conceptuelle et une amélioration de l'approche heuristique. Bien que la littérature ne propose généralement pas de définition claire et cohérente des méta-heuristiques et qu'il semble ne pas y avoir de consensus à ce sujet, elle offre diverses descriptions. Parmi celles-ci, on peut mentionner que les algorithmes méta-heuristiques représentent des méthodes d'optimisation globale itératives qui utilisent des heuristiques sous-jacentes en combinant intelligemment diverses

stratégies de haut niveau pour explorer l'espace de recherche. Ces stratégies visent à éviter les optimums locaux et à trouver une solution approchée de l'optimum global (Talbi, 2009)

Les approches mentionnées sont généralement inspirées de phénomènes naturels. Ces phénomènes peuvent être, par exemple, le comportement collectif animal ou humain, des processus physiologiques ou des propriétés végétales, mais ils comprennent également certains processus non biologiques tels que des phénomènes physiques, astrophysiques ou chimiques et des procédures mathématiques (Glover, 2003)

Les méthodes méta-heuristiques sont parfois qualifiées de "basées sur des métaphores" car leur nom et leur conception sont plus ou moins inspirés de processus biologiques et autres. Les méta-heuristiques sont les plus connues, les plus populaires et de loin les plus utilisées parmi les méthodes heuristiques.

De nouvelles procédures appartenant sont constamment proposées. (Ma et al. 2023) ont présenté une liste exhaustive de plus de 500 algorithmes méta-heuristiques basés sur des métaphores et leur base de référence. Si beaucoup des méthodes proposées ne représentent qu'une répétition ou même parfois un simple changement de nom de méthodes connues, certaines approches nouvellement décrites montrent une pertinence et une utilité réelles et introduisent de nouveaux niveaux de performance.

2.4. Les techniques hyper-heuristique

Une hyper-heuristique est une méthode de recherche heuristique qui automatise, souvent par le biais de techniques d'apprentissage automatique, la sélection, la combinaison, la génération et l'adaptation de plusieurs heuristiques plus simples (ou composants de telles heuristiques) pour résoudre efficacement des problèmes de recherche complexes (Burke, 2013).

En d'autres termes, on peut la voir comme une "méta-heuristique" qui gère un ensemble d'heuristiques "de base". Elle choisit la bonne heuristique à utiliser en fonction du contexte du problème et peut même les modifier ou en créer de nouvelles pour s'adapter au mieux aux spécificités du problème. Les points clés des hyper-heuristiques sont :

- Automatisation : Elles réduisent la nécessité d'une intervention humaine pour choisir et adapter les heuristiques, rendant le processus de résolution de problèmes plus rapide et plus efficace.
- Adaptabilité : Elles peuvent s'adapter à des problèmes de natures différentes en ajustant les heuristiques sous-jacentes.
- Efficacité : Elles peuvent souvent trouver des solutions de meilleure qualité aux problèmes que les heuristiques individuelles.
- Transférabilité : Certaines hyper-heuristiques peuvent être appliquées à différents types de problèmes avec peu de modifications.

2.5. Les algorithmes bio-inspiré

Les algorithmes bio-inspirés sont une classe d'algorithmes d'optimisation qui s'inspirent de la nature et de ses processus biologiques pour trouver des solutions optimales. Ces approches tirent des leçons des processus biologiques, comportementaux ou écologiques pour concevoir des solutions algorithmiques (Yang, 2010).

Les algorithmes bio-inspirés sont basés sur l'idée que la nature a évolué pour trouver des solutions efficaces à des problèmes complexes. Ces algorithmes simulent les processus naturels en utilisant des concepts tels que la sélection naturelle, l'apprentissage automatique et la régulation hormonale.

L'histoire de ces algorithmes remonte aux premiers travaux de recherche sur l'intelligence artificielle dans les années 1940. Cependant, ce n'est qu'à partir des années 1990 que ces algorithmes ont commencé à gagner en popularité. Ces algorithmes peuvent être stochastiques s'il présente une forme quelconque de caractère aléatoire dans son comportement global ou déterministes si les résultats peuvent être connus à l'avance ou prédits.

Les algorithmes bio-inspirés sont basés sur des processus naturels et biologiques et utilisent des mécanismes évolutifs, sociaux ou biochimiques pour résoudre des problèmes complexes.

3. Taxonomie des algorithmes bio-inspirés

On peut trouver dans la littérature plusieurs propositions de taxonomie, chacune ayant ses propres avantages et inconvénients (Nigel, 2018). La Figure 3.1 représente le schéma d'une classification des méthodes d'optimisation bio-inspirées.

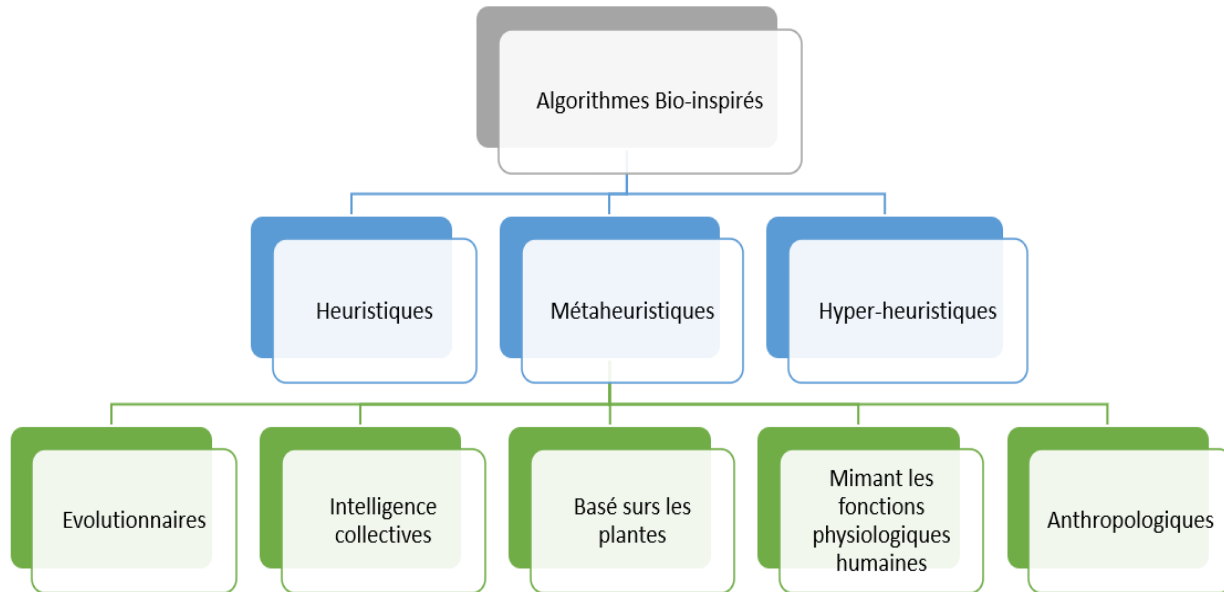


Figure 3.1. Classification des méthodes d'optimisation bio-inspirées

3.1. Algorithmes évolutionnaires

Les algorithmes évolutionnaires (AE) comprennent différents algorithmes d'optimisation méta-heuristiques basés sur des populations. Ils s'inspirent des processus d'évolution darwinienne des espèces, notamment la procréation de la descendance, les mutations génétiques, la recombinaison et la sélection naturelle. Ils ne sont liés à aucune spécificité particulière d'un problème d'optimisation concret et sont donc applicables à une très grande variété de scénarios différents. Ils ont une fonction d'objectif (fitness) prédéfinie qui détermine la qualité souhaitée de la solution, et les solutions candidates sont des individus dans la population.

La Table 3.1 présente quelques algorithmes évolutionnaires de base sélectionnés. Il indique d'abord le nom de l'algorithme, puis son abréviation standard, les noms de ses

créateurs ou principaux promoteurs et l'année de la première présentation de la proposition, et enfin une référence importante liée au sujet.

Algorithme	Proposé par	Année	Référence
Algorithme génétique	Holland	1975	(Holland, 1975)
Algorithme mémétique	Moscato	1989	(Moscato, 1989)
Algorithme d'évolution différentielle	Rainer Storn et Kenneth Price	1997	(Storn, 1997)

Table 3.1. Algorithmes évolutionnaires de base sélectionnés

3.1.1. Algorithmes génétiques

L'algorithme génétique (AG) est un algorithme d'optimisation méta-heuristique inspiré du processus d'évolution naturelle (Holland, 1975). Il est basé sur l'idée que les solutions les plus adaptées à un problème ont plus de chances de survivre et de se reproduire, transmettant leurs caractéristiques à leurs descendants.

Le fonctionnement d'un algorithme génétique se résume à :

- Initialisation : Une population initiale de solutions est générée de manière aléatoire.
- Évaluation : La fonction d'objectif du problème est évaluée pour chaque solution.
- Sélection : Les solutions les plus adaptées sont sélectionnées pour la reproduction.
- Croisement : Les solutions sélectionnées sont croisées pour produire de nouvelles solutions.
- Mutation : Les nouvelles solutions peuvent subir une mutation, ce qui introduit de la variation dans la population.
- Remplacement : Les nouvelles solutions remplacent les solutions les moins adaptées de la population.

Ces étapes sont répétées jusqu'à ce que la solution optimale soit trouvée ou jusqu'à ce qu'un certain nombre de générations soit atteint.

Les avantages de l'algorithme génétique comprennent :

- Sa capacité à trouver des solutions optimales ou quasi-optimales à des problèmes complexes.
- Son adaptabilité à différents types de problèmes.
- Sa robustesse aux perturbations de l'environnement.

Les inconvénients de l'algorithme génétique comprennent :

- Son temps d'exécution peut être long pour les problèmes de grande taille.
- Il peut être difficile de trouver les paramètres optimaux de l'algorithme.

3.1.2. Algorithmes mémétiques

Les algorithmes mémétiques (AM) combinent l'exploration globale des algorithmes évolutionnaires avec des techniques de raffinement local pour une optimisation plus efficace et performante (Moscato, 1989).

Le fonctionnement d'un algorithme mémétique se résume à :

1. Initialisation :
 - Une population de solutions candidates diversifiées est générée.
2. Phase évolutive :
 - Les solutions évoluent à l'aide d'opérateurs évolutionnaires (sélection, croisement, mutation), imitant le processus de sélection naturelle pour conserver les idées prometteuses et abandonner les moins adaptées.
3. Phase de raffinement local :
 - Chaque solution est affinée à l'aide de techniques de recherche locales.
 - Cela permet à chaque solution de se concentrer sur ses forces et d'affiner ses performances.
4. Itération et évaluation :
 - Les phases évolutives et de raffinement local sont répétées de manière itérative, comme un cycle continu d'exploration et de perfectionnement.
 - La qualité des solutions est évaluée à l'aide d'une fonction d'aptitude, assurant la progression vers l'objectif souhaité.

Avantages

- Convergence plus rapide et meilleures solutions : Les AM surpassent souvent les algorithmes évolutionnaires traditionnels grâce à leur approche équilibrée.
- Traitement de problèmes d'optimisation complexes: Ils peuvent naviguer dans des paysages difficiles avec de multiples optima locaux.
- Adaptabilité à différents domaines de problèmes: Les AM peuvent être adaptés à des structures et contraintes de problèmes spécifiques.

Inconvénients

- Complexité accrue : L'ajout d'une recherche locale peut rendre les AM plus complexes à concevoir et à implémenter.
- Coût de calcul : La phase de raffinement local peut entraîner une surcharge de calcul.
- Paramétrage : Trouver l'équilibre optimal entre la recherche globale et locale peut nécessiter de l'expérimentation.

3.1.3. Algorithmes d'évolution différentielle

L'algorithme d'évolution différentielle (DE) est une puissante technique d'optimisation métaheuristique inspirée du processus d'évolution naturel (Storn, 1997). Il excelle dans la recherche de solutions optimales ou quasi-optimales à des problèmes complexes, y compris ceux avec des espaces de recherche multidimensionnels et des fonctions d'objectif non convexes.

Le fonctionnement d'un algorithme d'évolution différentielle se résume à :

1. Initialisation : Une population initiale de solutions candidates est générée de manière aléatoire.
2. Mutation : Pour chaque solution, une nouvelle solution mutée est créée en utilisant la différence de deux autres solutions de la population.
3. Croisement : La solution mutée est croisée avec la solution originale, échangeant certaines de leurs caractéristiques pour une variation supplémentaire.

4. Sélection : Une compétition est organisée entre la solution originale et la solution croisée. La meilleure solution, selon la fonction d'objectif, est conservée pour la prochaine génération.
5. Remplacement : Ce processus de mutation, croisement et sélection est répété pour toutes les solutions de la population. Les solutions améliorées remplacent les solutions moins performantes de la génération précédente.
6. Itération : Ces étapes sont répétées jusqu'à ce qu'un critère de terminaison soit atteint, comme un nombre maximum d'itérations ou une convergence acceptable de la fonction d'objectif.

Les avantages de l'algorithme d'évolution différentielle comprennent :

- Efficacité dans la recherche d'optimum: Il explore rapidement et efficacement l'espace de recherche, trouvant souvent des solutions de haute qualité même pour des problèmes complexes.
- Robustesse aux paramètres : Il est peu sensible aux paramètres initiaux et aux variations de l'environnement, ce qui le rend stable et fiable.
- Facilité d'implémentation: Son concept simple et ses paramètres limités le rendent facile à adapter à différents problèmes.
- Adaptabilité aux fonctions non convexes: Il peut gérer efficacement les fonctions d'objectif avec plusieurs optima locaux, évitant les pièges de recherche.

Les inconvénients de l'algorithme d'évolution différentielle comprennent :

- Possibilité de convergence prématurée: Dans certains cas, la simplicité de l'algorithme peut conduire à une convergence prématurée sur des solutions sous-optimales.
- Paramétrage optimal: Bien que peu nombreux, le choix optimal des paramètres peut nécessiter des ajustements pour des problèmes spécifiques.
- Coût de calcul pour les populations larges: Le processus d'évaluation des solutions peut devenir coûteux en calcul pour des populations de grande taille.

3.2. Algorithmes d'intelligence collective

Les algorithmes d'intelligence collective constituent un vaste groupe de méta-heuristiques inspirées de la nature, conçus pour traiter des problèmes d'optimisation complexes où les approches mathématiques ou traditionnelles exactes sont difficiles, voire impossibles à mettre en œuvre. Ils s'appuient sur le comportement social de grands groupes d'animaux (volées d'oiseaux, bancs de poissons, essaims d'insectes, troupeaux de grands mammifères) et leurs stratégies pour atteindre leurs objectifs. C'est également l'élément central de notre classification, et certains des algorithmes les plus utilisés et les plus connus en font partie.

La Table 3.2 présente quelques algorithmes d'intelligence collective sélectionnés.

Algorithme	Proposé par	Année	Référence
Particule swarm optimization	Kennedy et Eberhart	1995	(Kennedy, 1995)
Optimisation par colonie de fourmis	Dorigo	1996	(Dorigo, 1996)
Colonie d'abeilles artificielle	Karaboga	2005	(Karaboga, 2005)
Algorithme des lucioles	Yang	2008	(Yang, 2008)
Algorithme des chauves-souris	Xin-She Yang	2010	(Yang, 2010)
Optimiseur des loups	Mirjalili	2014	(Mirjalili, 2014)

Table 3.2. Algorithmes d'intelligence collective sélectionnés

3.2.1. Particle Swarm Intelligence

Particle Swarm Intelligence (PSO) est une technique d'optimisation méta-heuristique basée sur le comportement de recherche collectif des organismes en groupe, comme les bancs de poissons ou les essaims d'oiseaux (Kennedy, 1995).

Le fonctionnement d'un PSO se résume à :

1. Initialisation : Une population de solutions candidates (particules) est générée de manière aléatoire dans l'espace de recherche du problème.
2. Mouvement des particules : Chaque particule se déplace dans l'espace de recherche en tenant compte de deux facteurs :
 - Sa propre meilleure position connue (pbest)
 - La meilleure position globale connue par l'ensemble des particules (gbest)
3. Mise à jour des positions : La position et la vitesse de chaque particule sont mises à jour en fonction de ces deux informations, guidant la population vers des solutions potentiellement meilleures.
4. Évaluation du fitness : La fonction d'objectif du problème est évaluée pour chaque particule, mesurant sa qualité.
5. Mise à jour du gbest : Si une particule trouve une solution meilleure que le gbest actuel, ce gbest est mis à jour.
6. Itération : Ce processus est répété pendant un certain nombre d'itérations, permettant à la population de converger vers des solutions optimales ou quasi-optimales.

Avantages de PSO

- Simple à implémenter : PSO nécessite peu de paramètres et son concept est facile à comprendre et à adapter à différents problèmes.
- Efficace pour la recherche globale : La combinaison de pbest et gbest permet à PSO d'explorer efficacement l'espace de recherche et d'éviter les pièges locaux.
- Robuste aux variations de l'environnement : PSO est peu sensible aux variations des paramètres initiaux et des conditions environnementales.
- Adaptable à de nombreux problèmes : PSO peut être appliqué à une large gamme de problèmes d'optimisation, y compris des problèmes continus, discrets et multi-objectifs.

Inconvénients de PSO

- Convergence prématurée : Dans certains cas, la convergence vers gbest peut- être trop rapide, empêchant l'exploration de meilleures solutions.
- Sensibilité aux paramètres pour des problèmes complexes : Un réglage fin des paramètres peut être nécessaire pour des problèmes d'optimisation complexes.
- Performance variable selon les problèmes : PSO peut ne pas toujours surpasser d'autres techniques d'optimisation sur tous les types de problèmes.

3.2.2. Optimisation par colonie de fourmis

L'optimisation par colonie de fourmis (Ant colony optimisation ou ACO en anglais) est une technique d'optimisation méta-heuristique inspirée du comportement des fourmis (Dorigo, 1996). Elle est utilisée pour résoudre des problèmes d'optimisation combinatoire, tels que le problème du voyageur de commerce, le problème du sac à dos et le problème du placement de machines.

L'idée de base de l'ACO est que les fourmis communiquent entre elles en laissant des traces de phéromones. Ces traces indiquent aux autres fourmis la qualité des chemins qu'elles ont empruntés.

Dans l'ACO, une population de fourmis est initialisée de manière aléatoire. Chaque fourmi construit un chemin en suivant les traces de phéromones laissées par les autres fourmis. La qualité d'un chemin est calculée en fonction de sa longueur ou de sa valeur.

À la fin de chaque itération, les traces de phéromones sont mises à jour. Les chemins les plus courts ou les plus précieux sont récompensés en augmentant la quantité de phéromones qu'ils laissent derrière eux. Cela encourage les autres fourmis à emprunter ces chemins lors des itérations suivantes.

Le processus est répété pendant un certain nombre d'itérations, jusqu'à ce que les fourmis convergent vers une solution optimale ou quasi-optimale.

Avantages de l'ACO

- Simple à implémenter : L'ACO est relativement simple à implémenter et son concept est facile à comprendre.
- Efficace pour la recherche globale : L'ACO est efficace pour explorer l'espace de recherche et éviter les pièges locaux.
- Robuste aux variations de l'environnement : L'ACO est robuste aux variations des paramètres initiaux et des conditions environnementales.

Inconvénients de l'ACO

- Convergence lente : L'ACO peut converger lentement vers une solution optimale, en particulier pour des problèmes complexes.
- Sensibilité aux paramètres : Les performances de l'ACO peuvent être sensibles aux paramètres du modèle.

3.2.3. Algorithme de colonie d'abeilles artificielles

L'algorithme de colonie d'abeilles artificielles (Artificial bee colony ou ABC en anglais) est une technique d'optimisation par essaim inspirée du comportement de recherche de nourriture des abeilles mellifères (Karaboga, 2005). Il est utilisé pour résoudre des problèmes d'optimisation complexes dans divers domaines, en particulier ceux avec un grand nombre de variables et des fonctions d'objectif non linéaires.

Le fonctionnement d'un ABC se résume à :

1. Initialisation : Une population de solutions potentielles ("sources de nourriture") est générée aléatoirement.
2. Abeilles employées : Chaque solution a une "abeille employée" attribuée. Les abeilles employées exploitent leur source assignée en explorant son voisinage, à la recherche de meilleures solutions.
3. Abeilles observatrices : Les abeilles observatrices choisissent des sources de nourriture en fonction des valeurs d'adaptation et d'une "danse" où les abeilles

employées partagent des informations sur leurs découvertes. Elles modifient ensuite ces sources par exploration, découvrant potentiellement de meilleures options.

4. Abeilles éclaireuses : Si une source de nourriture n'a pas été améliorée pendant un certain nombre d'itérations, elle est abandonnée et une abeille éclaireuse recherche une nouvelle source aléatoirement.
5. Sélection et remplacement : Les meilleures solutions trouvées par les abeilles employées et observatrices sont sélectionnées et remplacent les sources abandonnées.
6. Itération : Ce processus se répète pour un nombre prédéfini d'itérations ou jusqu'à ce qu'une solution satisfaisante soit trouvée.

Avantages de l'ABC

- Simple et facile à implémenter : Nécessite peu de paramètres et des opérations simples.
- Efficace pour l'optimisation globale : Exploite les phases d'exploration et d'exploitation pour éviter les optima locaux.
- Robuste aux variations : Les performances sont moins sensibles aux paramètres par rapport à d'autres algorithmes.
- Adaptable à divers problèmes : Fonctionne bien avec les problèmes d'optimisation continus, discrets et multi-objectifs.

Inconvénients de l'ABC

- Vitesse de convergence : Peut converger plus lentement que d'autres algorithmes pour certains problèmes.
- Ajustement des paramètres : Bien que robuste, des paramètres optimaux peuvent améliorer les performances.
- Pas toujours garanti de trouver l'optimum global : Comme d'autres métaheuristiques, peut trouver une bonne solution, mais pas nécessairement la meilleure.

3.2.4. Algorithme de lucioles

L'algorithme des lucioles (Firefly algorithm en anglais) est une technique d'optimisation métaheuristique inspirée du comportement lumineux des lucioles (Yang, 2008). Il est utilisé pour résoudre des problèmes d'optimisation complexes dans divers domaines, en simulant l'attraction des lucioles vers les sources de lumière plus intense, les guidant ainsi vers des solutions optimales.

Le fonctionnement d'un algorithme des lucioles se résume à :

1. Initialisation :

- Une population de lucioles (solutions potentielles) est générée aléatoirement dans l'espace de recherche.
- Chaque luciole se voit attribuer une intensité lumineuse basée sur sa qualité de solution actuelle (fitness).

2. Mouvement :

- Les lucioles se déplacent vers les plus lumineuses, attirées par leur intensité.
- Ce mouvement est influencé par deux facteurs :
 - Attractivité : Plus une luciole est lumineuse, plus elle attire les autres.
 - Distance : L'attraction diminue à mesure que la distance entre les lucioles augmente.

3. Variation :

- Des variations aléatoires sont introduites pour simuler le hasard naturel et l'exploration de l'espace de recherche.

4. Évaluation :

- La qualité de solution de chaque luciole est évaluée à sa nouvelle position.
- L'intensité lumineuse est mise à jour en fonction de cette nouvelle qualité.

5. Itération :

- Les étapes 2 à 4 sont répétées pendant un certain nombre d'itérations ou jusqu'à ce qu'une solution satisfaisante soit trouvée.

Avantages

- Recherche globale efficace : Explore efficacement l'espace de recherche pour éviter les optima locaux.
- Implémentation simple : Nécessite peu de paramètres et des opérations simples.
- Polyvalence : Applicable à divers problèmes d'optimisation, y compris continus, discrets et multi-objectifs.
- Bonne convergence : Converge souvent vers des solutions optimales ou quasi-optimales rapidement.

Inconvénients

- Ajustement des paramètres : Les performances peuvent être sensibles aux paramètres, nécessitant un réglage minutieux.
- Coût computationnel : Peut-être coûteux en calcul pour les problèmes de grande envergure.

3.2.5. Algorithme de chauve-souris

L'algorithme de chauve-souris (Bat algorithm en anglais) est une technique d'optimisation méta-heuristique inspirée du comportement d'écholocation des chauves-souris (Yang, 2010). Il simule la façon dont les chauves-souris émettent des ultrasons et utilisent les échos pour localiser leurs proies et se déplacer. Il utilise l'ajustement de la fréquence et la variation de l'intensité sonore pour équilibrer l'exploration et l'exploitation dans la recherche de solutions optimales.

L'algorithme de chauve-souris fonctionne comme suit :

1. Initialisation :
 - Une population de chauves-souris (solutions potentielles) est générée aléatoirement dans l'espace de recherche.
 - Chaque chauve-souris se voit attribuer une position, une vitesse, une fréquence et une intensité sonore.
2. Mouvement :

- Les chauves-souris se déplacent dans l'espace de recherche en fonction de leur vitesse et de leur fréquence.
 - La fréquence est ajustée à l'aide d'une technique de réglage de fréquence pour explorer différentes zones.
 - L'intensité sonore diminue progressivement pour se concentrer sur des régions plus prometteuses.
3. Recherche locale :
- Chaque chauve-souris génère aléatoirement une nouvelle solution dans une zone de recherche locale autour de sa position actuelle.
 - Si la nouvelle solution est meilleure, elle remplace l'ancienne.
4. Évaluation :
- La qualité de la solution de chaque chauve-souris (fitness) est évaluée.
5. Mise à jour :
- Les vitesses et les positions des chauves-souris sont mises à jour en fonction de leurs fréquences, de leur intensité sonore et des meilleures solutions trouvées jusqu'à présent.
 - L'intensité sonore diminue lorsque les chauves-souris se rapprochent de proies potentielles (solutions optimales).
6. Itération :
- Les étapes 2 à 5 sont répétées pendant un certain nombre d'itérations ou jusqu'à ce qu'une solution satisfaisante soit trouvée.

Avantages

- Recherche globale efficace : Bon pour explorer l'espace de recherche et éviter les optima locaux.
- Peu de paramètres : Nécessite relativement peu de paramètres à régler par rapport à d'autres métaheuristiques.
- Bonne convergence : Converge souvent vers des solutions optimales ou quasi-optimales rapidement.

- Polyvalence : Applicable à divers problèmes d'optimisation, y compris continus, discrets et multi-objectifs.

Inconvénients

- Ajustement des paramètres : Les performances peuvent être sensibles aux paramètres, nécessitant un réglage minutieux.
- Coût computationnel : Peut-être coûteux en calcul pour les problèmes à haute dimension.

3.2.6. Optimiseur des loups gris

L'optimiseur des loups gris (Gray Wolf Optimizer ou GWO en anglais) est une technique d'optimisation métaheuristique inspirée par le comportement social et de chasse des loups gris (Mirjalili, 2014). Il simule la hiérarchie et la collaboration au sein d'une meute pour explorer efficacement l'espace de recherche et trouver des solutions optimales à des problèmes complexes.

L'optimiseur des loups gris fonctionne comme suit :

1. Initialisation :

- Une population de loups (solutions potentielles) est initialisée aléatoirement dans l'espace de recherche.
- Quatre loups sont désignés comme l'alpha (meilleure solution), le bêta (deuxième meilleure), le delta (troisième meilleure) et les omégas (autres loups).

2. Recherche :

- Les loups alpha, bêta et delta guident la recherche :
 - L'alpha se déplace aléatoirement pour explorer l'espace de recherche et découvrir de nouvelles zones prometteuses.
 - Le bêta et le delta exploitent les solutions trouvées par l'alpha en se rapprochant progressivement de sa position.
- Les omégas suivent les leaders et adaptent leurs positions en fonction de leur hiérarchie.

3. Attaque :

- Lorsque des solutions meilleures qu'un leader sont trouvées, elles peuvent prendre sa place dans la hiérarchie.
- Cela simule la compétition au sein de la meute pour trouver la meilleure proie (solution).

4. Mise à jour :

- Les positions des loups sont mises à jour en fonction de leur rôle et de la position des leaders.
- La hiérarchie est également mise à jour en fonction des nouvelles positions et qualités des solutions.

5. Itération :

- Les étapes 2 à 4 sont répétées pendant un certain nombre d'itérations ou jusqu'à ce qu'une solution satisfaisante soit trouvée.

Avantages

- Exploration efficace : Exploite la recherche aléatoire de l'alpha pour trouver de nouvelles zones de solution.
- Exploitation optimale : Utilise la collaboration des leaders pour améliorer les solutions existantes.
- Robuste aux pièges locaux : Evite de se retrouver bloqué dans des solutions sous-optimales.
- Simple à implémenter : Nécessite peu de paramètres et des opérations simples.

Inconvénients

- Sensibilité aux paramètres : Les performances peuvent être sensibles aux paramètres de l'algorithme.
- Convergence lente pour certains problèmes : Peut prendre plus de temps que d'autres algorithmes pour converger vers la solution optimale.

3.3. Algorithmes basés sur les plantes

Cette section présente des algorithmes d'optimisation métaheuristiques inspirés des propriétés du monde végétal. L'algorithme basé sur les plantes le plus populaire est l'algorithme de pollinisation des fleurs (FPA). La Table 3.3 présente quelques algorithmes sélectionnés.

Algorithme	Proposé par	Année	Référence
Algorithme de pollinisation des fleurs	Xin-She Yang	2012	(Yang, 2012)
Algorithme de propagation des plantes	Zhao	2013	(Zhao, 2013)
Algorithme de graine d'arbre	Kiran	2015	(Kiran, 2015)

Table 3.3. Algorithmes basés sur les plantes

3.3.1. Algorithmes de pollinisation des fleurs

L'algorithme de pollinisation des fleurs (flower pollination algorithm ou FPA en anglais) est un algorithme d'optimisation métaheuristique inspiré du processus naturel de pollinisation des fleurs. Proposé par Xin-She Yang en 2012([Yang, 2012](#)), il a connu un succès croissant dans divers domaines pour sa simplicité et son efficacité.

Le fonctionnement de l'algorithme de pollinisation des fleurs est :

1. Initialisation : La population d'individus (fleurs) est initialisée dans l'espace de recherche. Chaque individu représente une solution potentielle au problème d'optimisation.
2. Pollinisation globale : Les pollens (solutions) voyagent sur de longues distances grâce aux pollinisateurs (opérateurs globaux) tels que le vent ou les insectes. Cela permet d'explorer l'espace de recherche et d'éviter les pièges locaux.
3. Pollinisation locale : Les pollens proches les uns des autres s'échangent via les pollinisateurs locaux (opérateurs locaux) tels que les abeilles. Cela permet d'affiner les solutions existantes et d'exploiter les zones prometteuses de l'espace de recherche.

4. Reproduction : Les fleurs pollinisées produisent de nouveaux fruits (solutions) en combinant les informations issues des pollens globaux et locaux.
5. Sélection : Seules les fleurs et les fruits ayant une meilleure fonction d'objectif survivent pour la génération suivante.

Les points clés de l'algorithme de pollinisation des fleurs sont :

- Combinaison exploration-exploitation : L'algorithme équilibre l'exploration globale de l'espace de recherche avec l'exploitation des zones prometteuses, améliorant la convergence vers des solutions optimales.
- Paramètres simples : Le FPA nécessite peu de paramètres à ajuster, simplifiant son utilisation et sa mise en œuvre.
- Robuste et polyvalent : Il est peu sensible aux paramètres initiaux et s'adapte à une variété de problèmes d'optimisation.

Avantages de l'algorithme de pollinisation des fleurs

- Efficacité dans la recherche d'optimum : Il converge rapidement vers des solutions de haute qualité, y compris des optima globaux.
- Facilité d'implémentation : Son concept simple et ses paramètres réduits facilitent son adaptation à différents problèmes.
- Robustesse : Il est peu sensible aux paramètres initiaux et aux variations de l'environnement.

Inconvénients de l'algorithme de pollinisation des fleurs

- Potentielle convergence prématurée : Dans certains cas, la simplicité de l'algorithme peut conduire à une convergence prématurée sur des solutions sous-optimales.
- Paramétrage optimal : Bien que peu nombreux, le choix optimal des paramètres peut nécessiter des ajustements pour des problèmes spécifiques.

3.3.2. Algorithmes de propagation des plantes

L'algorithme de propagation des plantes (Plant Propagation Algorithm ou PPA en anglais) est une méta-heuristique d'optimisation relativement récente, inspirée du processus naturel de reproduction des plantes, notamment du fraisier (Zhao, 2013). Il a gagné en popularité en raison de sa simplicité, son efficacité et sa capacité à résoudre des problèmes d'optimisation complexes.

Le fonctionnement de base de l'algorithme de propagation des plantes est :

1. Initialisation : La population d'individus (plantes) est initialisée dans l'espace de recherche. Chaque plante représente une solution potentielle au problème d'optimisation.
2. Croissance des plantes : Chaque plante subit une "croissance" en modifiant légèrement sa solution actuelle en fonction de la meilleure plante (plante parent) de la génération précédente.
3. Pollinisation : Une partie des plantes se reproduit en échangeant leurs informations génétiques (solutions) avec une autre plante sélectionnée aléatoirement (pollinisateur).
4. Dispersion des graines : Les plantes se dispersent dans l'espace de recherche en modifiant davantage leurs solutions, similaire à la dispersion des graines par le vent ou les animaux.
5. Sélection : Seules les plantes et les graines ayant une meilleure fonction d'objectif survivent pour la génération suivante.

Les points clés du PPA sont :

- Exploration-exploitation : Le PPA équilibre l'exploration de l'espace de recherche grâce à la dispersion des graines avec l'exploitation des zones prometteuses via la croissance et la pollinisation.
- Paramètres simples : Le PPA nécessite peu de paramètres à ajuster, ce qui facilite son utilisation et sa mise en œuvre.

- Adaptabilité : Il peut être facilement adapté à différents types de problèmes d'optimisation en ajustant les opérateurs de croissance, de pollinisation et de dispersion.

Avantages du PPA

- Efficacité dans la recherche d'optimum : Il converge rapidement vers des solutions de haute qualité, y compris des optima globaux.
- Facilité d'implémentation : Son concept simple et ses paramètres réduits facilitent son adaptation à différents problèmes.
- Robustesse : Il est peu sensible aux paramètres initiaux et aux variations de l'environnement.

Inconvénients du PPA

- Potentielle convergence prématurée : Dans certains cas, la simplicité de l'algorithme peut conduire à une convergence prématurée sur des solutions sous-optimales.
- Paramétrage optimal : Bien que peu nombreux, le choix optimal des paramètres peut nécessiter des ajustements pour des problèmes spécifiques.

3.3.3. Algorithmes de graine d'arbre

L'algorithme de graine d'arbre (tree seed algorithm ou TSA en anglais) est une méta-heuristique d'optimisation relativement récente, inspirée par la relation entre les arbres et leurs graines dans la nature. Il a été proposé en 2015 par Kiran en tant que solution pour résoudre des problèmes d'optimisation continue (Kiran, 2015).

Les principes clés du TSA sont :

1. Population d'arbres et de graines : L'algorithme fonctionne avec une population d'individus, divisée en deux groupes :
 - Les "arbres" représentent des solutions potentielles au problème d'optimisation.

- Les "graines" sont des solutions générées autour des arbres, explorant l'espace de recherche.
- 2. Croissance des arbres : Les arbres grandissent en tendant vers la meilleure solution trouvée jusqu'à présent, représentant l'exploitation des zones prometteuses.
- 3. Dispersion des graines : Les graines sont dispersées autour des arbres, explorant l'espace de recherche pour trouver de nouvelles solutions potentielles. La dispersion est influencée par des paramètres comme la distance de dispersion et la tendance à rester proche de l'arbre parent.
- 4. Sélection : Les meilleurs arbres et graines, en fonction de leur qualité (évaluée par la fonction objective du problème), sont sélectionnés pour la génération suivante, assurant la convergence vers des solutions optimales.

Avantages du TSA

- Efficacité dans la recherche d'optimum : Il a démontré sa capacité à trouver des solutions optimales ou quasi-optimales pour des problèmes d'optimisation continus.
- Équilibre exploration-exploitation : L'algorithme équilibre l'exploration de l'espace de recherche grâce à la dispersion des graines avec l'exploitation des zones prometteuses via la croissance des arbres.
- Paramètres simples : Le TSA nécessite peu de paramètres à ajuster, ce qui facilite son utilisation et sa mise en œuvre.

Inconvénients du TSA

- Convergence prématurée possible : Dans certains cas, l'algorithme peut converger prématurément vers des solutions sous-optimales, surtout si les paramètres ne sont pas bien ajustés.

3.4. Méta-heuristiques mimant les fonctions physiologiques humaines ou zoologiques

Les fonctions physiologiques des humains ou de certains mammifères ont également servi de bio-inspiration pour certaines méthodes d'optimisation méta-heuristiques. Les méta-heuristiques mimant les fonctions physiologiques humaines sont une classe d'algorithmes d'optimisation méta-heuristiques qui s'inspirent des processus biologiques qui se déroulent dans le corps humain. Ces algorithmes sont conçus pour explorer l'espace de recherche de manière efficace et trouver des solutions optimales ou quasi-optimales à des problèmes difficiles.

Les méta-heuristiques mimant les fonctions physiologiques humaines sont basées sur l'idée que les processus biologiques sont souvent capables de trouver des solutions optimales à des problèmes complexes. Ces algorithmes simulent ces processus biologiques en utilisant des concepts tels que la sélection naturelle, l'apprentissage automatique et la régulation hormonale.

- L'algorithme de système immunitaire artificiel est un algorithme qui simule le système immunitaire humain. Cet algorithme est basé sur l'idée que le système immunitaire utilise des anticorps pour combattre les infections.
- L'algorithme de neurones artificiels est un algorithme qui simule le fonctionnement des neurones dans le cerveau humain. Cet algorithme est basé sur l'idée que les neurones utilisent des connexions entre eux pour traiter l'information.

La table 3.4 en présente seulement trois exemples, et l'une des plus importantes et des plus utilisées d'entre elles, le système immunitaire artificiel (AIS).

Algorithme	Proposé par	Année	Référence
Système immunitaire artificiel	Farmer, Packard et Perelson	1986	(Farmer, 1986)
Réseaux de neurones artificiels	McCulloch et Walter Pitts	1943	(McCulloch, 1943)

Algorithme de recherche mentale humaine	Zhang Ming	1999	(Zhang, 1999)
---	------------	------	---------------

Table 3.4. Algorithmes mimant les fonctions physiologiques humaines ou zoologiques

3.4.1. Système immunitaire artificiel

Le système immunitaire artificiel (Artificial immune system ou AIS en anglais) est un domaine fascinant de l'intelligence artificielle qui s'inspire du fonctionnement du système immunitaire biologique des êtres vivants pour résoudre des problèmes complexes d'optimisation (Farmer, 1986). Au lieu de sang et de cellules, l'AIS utilise des populations d'individus et des opérateurs d'évolution pour explorer l'espace de recherche et trouver la meilleure solution possible.

Les principes clés de l'AIS sont :

- Population d'individus : L'AIS commence avec une population d'individus représentant des solutions potentielles au problème. Ces individus peuvent être des chaînes de bits, des vecteurs de nombres, ou tout autre type de structure capable de coder l'information pertinente.
- Mécanismes d'adaptation : Inspirés des mécanismes du système immunitaire, l'AIS utilise des opérateurs d'adaptation pour modifier les individus. Ces opérateurs peuvent inclure la mutation, la reproduction croisée, la vaccination et la sélection.
- Diversité et sélection : La diversité est essentielle pour éviter l'optimisation prématurée. L'AIS encourage la diversité en utilisant des opérateurs de mutation et en sélectionnant les meilleurs individus en fonction d'une fonction d'objectif.
- Mémoire immunitaire : Certains AIS utilisent une mémoire pour stocker des informations sur les solutions précédemment explorées. Cette mémoire peut être utilisée pour éviter de revisiter des solutions inférieures et pour guider la recherche vers des zones prometteuses de l'espace de recherche.

Avantages de l'AIS

- Adaptabilité : L'AIS peut être appliqué à une large gamme de problèmes d'optimisation, qu'il s'agisse d'ingénierie, de finance, de logistique ou de science des données.
- Robustesse : L'AIS est généralement peu sensible aux paramètres initiaux et aux variations de l'environnement.
- Efficacité dans la recherche d'optimum : L'AIS peut converger efficacement vers des solutions optimales ou quasi-optimales, en particulier pour les problèmes complexes avec de nombreux optima locaux.

Inconvénients de l'AIS

- Paramétrage : Le choix optimal des paramètres peut nécessiter une expérimentation et un réglage fin.
- Coût de calcul : Certains AIS peuvent être coûteux en termes de temps et de ressources pour des problèmes de grande taille.
- Interprétation des résultats : Il peut être difficile d'interpréter les solutions trouvées par l'AIS, surtout lorsque les individus sont des structures complexes.

3.4.2. Réseaux de neurones

Les réseaux de neurones sont une puissante catégorie d'algorithmes d'apprentissage automatique, inspirés de la structure et du fonctionnement du cerveau humain (McCulloch, 1943). Ils sont conçus pour reconnaître des modèles, effectuer des prédictions et apprendre à partir de données, de manière similaire à l'apprentissage humain.

Son fonctionnement se résume à :

1. Structure :
 - Les réseaux de neurones se composent de couches interconnectées de neurones artificiels, qui sont des unités de traitement élémentaires imitant le comportement des neurones biologiques.

- Chaque neurone reçoit des entrées d'autres neurones ou de données externes, traite ces entrées à l'aide d'une fonction mathématique et produit une sortie qui est transmise à d'autres neurones.
- Les connexions entre les neurones, appelées poids, déterminent l'influence de la sortie d'un neurone sur un autre.

2. Processus d'apprentissage :

- Les réseaux de neurones apprennent en ajustant leurs poids en fonction des données qui leur sont présentées. Ce processus est appelé l'entraînement.
- Lors de l'entraînement, le réseau reçoit un ensemble d'exemples d'apprentissage, composés de données d'entrée et de la sortie souhaitée correspondante.
- Le réseau traite les données d'entrée et produit une sortie, qui est comparée à la sortie souhaitée. Les poids sont ensuite ajustés pour réduire l'écart entre la sortie prédite et la sortie réelle.
- Ce processus est répété de manière itérative jusqu'à ce que le réseau puisse produire des sorties précises pour une large gamme d'entrées.

Types de réseaux de neurones clés :

- Réseaux de neurones à propagation avant (Feedforward) : Les informations circulent dans une seule direction, des couches d'entrée vers les couches de sortie.
- Réseaux de neurones convolutifs (CNN) : Excellents pour la reconnaissance d'images et de vidéos grâce à leur capacité à extraire des caractéristiques de données spatiales.
- Réseaux de neurones récurrents (RNN) : Traitent des données séquentielles telles que le texte ou la parole, car ils peuvent mémoriser des informations provenant d'entrées précédentes.

Avantages des réseaux de neurones

- Capacité à apprendre des modèles complexes : Ils peuvent gérer des relations non linéaires et des données de grande dimension.
- Adaptabilité : Ils peuvent apprendre et s'adapter à de nouvelles données sans programmation explicite.
- Généralisation : Ils peuvent généraliser les connaissances à de nouveaux exemples, même s'ils sont légèrement différents des données d'apprentissage.

Inconvénients des réseaux de neurones

- Coût de calcul : L'entraînement de grands réseaux de neurones peut être long et demander beaucoup de ressources.
- Dépendance aux données : Ils nécessitent de grandes quantités de données de haute qualité pour l'entraînement.
- Interprétabilité : Il peut être difficile de comprendre comment un réseau de neurones prend des décisions, ce qui pose des problèmes de confiance et de transparence.

3.4.3. Algorithme de recherche mentale humaine

L'algorithme de recherche mentale humaine (HMS) est un algorithme d'optimisation métaheuristique relativement récent, inspiré du comportement mental humain lors de la prise de décision et de la résolution de problèmes (Zhang, 1999).

L'algorithme de recherche mentale humaine fonctionne comme suit :

1. Initialisation :
 - La population d'individus (solutions candidates) est initialisée dans l'espace de recherche.
 - Chaque individu représente une solution potentielle au problème d'optimisation.
2. Recherche mentale :

- Chaque individu effectue une "recherche mentale" en générant de nouvelles solutions autour de sa position actuelle.
 - Cette recherche est basée sur le "mouvement Lévy", un type de mouvement aléatoire inspiré du comportement de recherche des animaux.
3. Évaluation :
- La fonction d'objectif du problème est calculée pour toutes les solutions générées.
4. Mouvement :
- L'individu se déplace vers la meilleure solution qu'il a trouvée pendant la recherche mentale.
5. Groupement :
- Les solutions sont regroupées en fonction de leur proximité dans l'espace de recherche.
 - Ce groupement permet d'exploiter les zones prometteuses et de converger vers des solutions optimales.
6. Sélection :
- Seuls les individus et les groupes ayant une meilleure fonction d'objectif survivent pour la génération suivante.

Les points clés de l'algorithme de recherche mentale humaine sont :

- Exploration-exploitation : L'algorithme équilibre l'exploration de l'espace de recherche grâce au mouvement Lévy avec l'exploitation des zones prometteuses grâce au regroupement et au mouvement vers la meilleure solution.
- Paramètres simples : Le HMS nécessite peu de paramètres à ajuster, ce qui facilite son utilisation et sa mise en œuvre.
- Adaptabilité : Il peut être facilement adapté à différents types de problèmes d'optimisation en ajustant les opérateurs de recherche mentale et de regroupement.

Avantages de l'algorithme de recherche mentale humaine

- Efficacité dans la recherche d'optimum : Il converge rapidement vers des solutions de haute qualité, y compris des optima globaux.
- Facilité d'implémentation : Son concept simple et ses paramètres réduits facilitent son adaptation à différents problèmes.
- Robustesse : Il est peu sensible aux paramètres initiaux et aux variations de l'environnement.

Inconvénients de l'algorithme de recherche mentale humaine

- Potentielle convergence prématurée : Dans certains cas, la simplicité de l'algorithme peut conduire à une convergence prématurée sur des solutions sous-optimales.
- Paramétrage optimal : Bien que peu nombreux, le choix optimal des paramètres peut nécessiter des ajustements pour des problèmes spécifiques.

3.5. Algorithmes Anthropologiques

Les algorithmes anthropologiques sont une classe d'algorithmes d'optimisation métaheuristiques qui s'inspirent du comportement social humain. Ces algorithmes sont conçus pour explorer l'espace de recherche de manière efficace et trouver des solutions optimales ou quasi-optimales à des problèmes difficiles.

Les algorithmes anthropologiques sont basés sur l'idée que les humains sont capables de résoudre des problèmes complexes en collaborant entre eux. Ces algorithmes simulent ce comportement social en utilisant des concepts tels que la communication, la coopération et la compétition.

- L'algorithme de recherche à tabou est un algorithme qui utilise une liste de solutions précédemment explorées pour éviter de revenir en arrière. Cet algorithme est inspiré du phénomène social du tabou, qui interdit de revenir sur des décisions déjà prises.

- L'algorithme de jeu de la vie est un algorithme qui simule le jeu de la vie de Conway. Cet algorithme est basé sur l'idée que des règles simples peuvent produire des comportements complexes.

La Table 3.5 présente quelques algorithmes sélectionnés.

Algorithme	Proposé par	Année	Référence
Recherche à tabou	Glover	1986	(Glover, 1986)
Algorithme de compétition Impérialiste	Atashpaz-Gargari	2007	(Atashpaz-Gargari, 2007)
Optimisation de la société anarchique	Erol et Eksin	2013	(Erol, 2013)

Table 3.5. Algorithmes Mimant le Comportement Social Humain

3.5.1. Recherche à tabou

La recherche à tabou est un algorithme d'optimisation méta-heuristique puissant et polyvalent, utilisé pour résoudre des problèmes complexes dans divers domaines (Glover, 1986). Son intuition fondamentale est inspirée du concept de "tabou" dans les sociétés humaines, où certains comportements sont considérés comme interdits ou indésirables. Dans l'algorithme, cette métaphore est traduite en une mémoire à court terme qui stocke les solutions récemment visitées et évite-leur revisite immédiate.

Le fonctionnement de base de la recherche à tabou est :

1. Initialisation : Démarrage avec une solution candidate initiale.
2. Mouvement de voisinage : Exploration progressive de l'espace de recherche en appliquant des opérateurs de transformation, créant des solutions voisines de la solution actuelle.
3. Evaluation : Calcul de la fonction d'objectif pour chaque solution voisine.
4. Sélection : Choix de la meilleure solution voisine qui n'est pas listée dans la liste taboue.

5. Mise à jour de la liste tabou : Ajout de la solution courante à la liste tabou pour une durée prédéfinie.
6. Répétition : Continuation des étapes 2 à 5 jusqu'à atteindre un critère d'arrêt (nombre d'itérations, convergence, etc.).

Les points clés de la recherche à tabou sont :

- Mémoire à court terme : La liste tabou empêche de revenir sur des solutions précédemment explorées, encourageant l'exploration de nouvelles zones de l'espace de recherche.
- Flexibilité : L'algorithme peut être facilement adapté à différents types de problèmes en ajustant les opérateurs de voisinage et la définition de la liste tabou.
- Equilibre exploration-exploitation : La combinaison de la mémoire à court terme et de l'exploration de voisinage permet un équilibre entre l'exploration de nouvelles solutions et l'exploitation des solutions prometteuses.

Avantages de la recherche à tabou

- Efficacité dans la recherche d'optimum : L'algorithme est capable de trouver des solutions de haute qualité, voire optimales, pour des problèmes complexes.
- Robustesse : Il est peu sensible aux paramètres initiaux et aux variations de l'environnement.
- Adaptabilité : Il peut être appliqué à une variété de problèmes d'optimisation, allant de la planification logistique à la conception de circuits électroniques.

Inconvénients de la recherche à tabou

- Coût de calcul : L'utilisation de la liste tabou et l'exploration extensive peuvent être coûteuses en termes de temps et de ressources pour des problèmes de grande taille.
- Paramétrage : Le choix optimal de la taille de la liste tabou et d'autres paramètres peut nécessiter une expérimentation et un réglage fin.

3.5.2. Algorithme de compétition impérialiste

L'algorithme de compétition impérialiste (Imperialist competition algorithm ou ICA en anglais) est une méta-heuristique d'optimisation évolutive inspirée des processus de colonisation et d'impérialisme dans le monde humain. Il a été proposé en 2007 par Atashpaz-Gargari et Lucas ([Atashpaz-Gargari, 2007](#)) et s'est depuis révélé efficace pour résoudre des problèmes d'optimisation continus et discrets complexes.

Son fonctionnement de base est :

1. Initialisation : La population est constituée d'individus appelés "pays". Certains sont choisis comme "impérialistes" en fonction de leur "pouvoir", une mesure de la qualité de la solution qu'ils représentent. Les autres sont des "colonies" sous l'influence des impérialistes.
2. Mouvement des colonies : Les colonies se déplacent vers leur impérialiste respectif en modifiant leurs solutions en fonction de la "distance" entre elles.
3. Assimilation : Les impérialistes peuvent assimiler des colonies qui se rapprochent trop, les transformant en "impérialistes probabilistes" qui peuvent à leur tour influencer d'autres colonies.
4. Compétition impérialiste : Les impérialistes s'affrontent pour accroître leur pouvoir et étendre leur empire. Ceux qui perdent du pouvoir et dont les colonies s'assimilent à d'autres peuvent éventuellement être retirés de la population.
5. Révolution : Les colonies et les impérialistes probabilistes peuvent subir des "révolutions", modifiant radicalement leurs solutions pour échapper à leur influence actuelle et potentiellement devenir de nouveaux impérialistes.

Avantages de l'ICA

- Efficacité dans la recherche d'optimum : Il explore efficacement l'espace de recherche et converge vers des solutions optimales ou quasi-optimales.
- Adaptabilité : Il peut être appliqué à une large gamme de problèmes d'optimisation.
- Robustesse : Il est peu sensible aux paramètres initiaux et aux variations de l'environnement.

Inconvénients de l'ICA

- Coût de calcul : Il peut être coûteux en termes de temps et de ressources pour des problèmes complexes.
- Paramétrage : Le choix des paramètres peut influencer les performances de l'algorithme.

3.5.3. Optimisation de la société anarchique

L'optimisation de la société anarchique (Optimization of anarchic society ou ASO en anglais) est un algorithme d'optimisation métaheuristique relativement récent, inspiré par le comportement social humain anarchique. Il a été proposé par Erolet Eksinen 2013 (Erol, 2013) et vise à résoudre des problèmes d'optimisation complexes en imitant les interactions dynamiques et imprévisibles d'une société anarchique.

Les principes clés de l'ASO sont :

- Population d'individus : L'algorithme commence avec une population d'individus représentant différentes solutions potentielles.
- Mouvement anarchique : Chaque individu subit un "mouvement anarchique", qui peut le déplacer vers n'importe quelle solution de l'espace de recherche, y compris des solutions qu'il a déjà visitées et même des solutions pires que sa solution actuelle.
- Niveau d'anarchie : Le niveau d'anarchie (un paramètre ajustable) contrôle la fréquence et l'ampleur des mouvements anarchiques. Plus le niveau est élevé, plus les individus sont susceptibles de se déplacer de manière imprévisible et d'explorer l'espace de recherche.
- Intensification et diversification : L'ASO utilise également des opérateurs d'intensification et de diversification pour améliorer la convergence vers des solutions optimales. L'intensification encourage les individus à explorer la zone autour de solutions prometteuses, tandis que la diversification encourage l'exploration de nouvelles zones de l'espace de recherche.

Avantages de l'ASO

- Exploration efficace : L'anarchie permet une exploration efficace de l'espace de recherche, évitant les pièges locaux et trouvant des solutions optimales globales.
- Robustesse : L'ASO est moins sensible aux paramètres initiaux et aux variations de l'environnement.
- Adaptabilité : Il peut être appliqué à une large gamme de problèmes d'optimisation.

Inconvénients de l'ASO

- Coût de calcul : L'anarchie peut être coûteuse en termes de temps et de ressources, surtout pour des problèmes complexes.
- Paramétrage : Le choix optimal du niveau d'anarchie et des autres paramètres peut nécessiter une expérimentation et un réglage fin.

4. Applications des algorithmes bio-inspirés

Les algorithmes bio-inspirés sont appliqués dans divers domaines en raison de leur capacité à résoudre des problèmes complexes d'optimisation, de recherche et de modélisation. Voici quelques-unes de ses utilisations notables :

Apprentissage automatique et exploration de données :

- Sélection des fonctionnalités : les algorithmes inspirés de la nature aident à sélectionner les fonctionnalités ou variables les plus pertinentes dans les modèles d'apprentissage automatique, améliorant ainsi la précision et l'efficacité des modèles.
- Regroupement et classification : ils sont utilisés pour regrouper des points de données similaires et classer les données en catégories.
- Formation des réseaux de neurones : Certains algorithmes inspirés de la nature améliorent le processus de formation des réseaux de neurones artificiels, améliorant ainsi leurs performances dans des tâches telles que la reconnaissance d'images et le traitement du langage naturel.

Robotique et automatisation :

- Planification de chemin : les robots et les véhicules autonomes aident à trouver des chemins idéaux tout en évitant les obstacles et en assurant une navigation efficace.

- Swarm Robotiques : des algorithmes tels que l'optimisation des essaims de particules sont utilisés pour contrôler des groupes de robots ou de drones, permettant un comportement coopératif et adaptatif.

Gestion de l'énergie et des ressources

- Réseaux intelligents : des algorithmes inspirés de la nature contribuent à améliorer la gestion de la distribution d'énergie dans les réseaux intelligents afin de réduire le gaspillage d'énergie et d'améliorer l'efficacité.

- Gestion des ressources en eau : elle vise à améliorer les réseaux de distribution d'eau et la gestion des réservoirs, en garantissant un approvisionnement en eau durable et efficace.

Bioinformatique

- Repliement des protéines : des algorithmes inspirés de la nature sont utilisés pour prédire les structures des protéines, ce qui contribue à la découverte de médicaments et à la compréhension des maladies.

- Analyse des séquences d'ADN : aide à identifier les modèles et les relations dans les séquences d'ADN, soutenant ainsi la recherche génétique et le diagnostic médical.

Traitement de l'image et du signal :

- Compression d'images : des algorithmes inspirés de la nature contribuent aux techniques de compression d'images et de vidéos, réduisant ainsi la taille des fichiers tout en conservant la qualité.

- Réduction du bruit : Ils sont utilisés pour supprimer le bruit de divers signaux, tels que les données audio et biomédicales.

Traitement du langage naturel

- Résumé de texte : ces algorithmes sont utilisés pour créer des résumés concis et informatifs de documents texte volumineux.

5. Avantages et inconvénients des algorithmes bio-inspirée

5.1. Avantages

- **Optimisation globale** : les algorithmes inspirés de la nature sont bien adaptés aux problèmes d'optimisation globale, où l'objectif est de trouver la meilleure solution dans un vaste espace de solutions. Ils excellent dans la recherche de solutions idéales ou presque parfaites dans des espaces complexes et multidimensionnels.
- **Robustesse** : ces algorithmes sont souvent robustes et capables de gérer des domaines problématiques bruyants, non linéaires. Ils peuvent s'adapter aux changements et aux incertitudes de l'environnement ou du problème.
- **Polyvalence** : les algorithmes inspirés de la nature sont polyvalents et peuvent être appliqués à un large éventail de problèmes, notamment l'optimisation, l'apprentissage automatique, la planification, le routage, etc. Cette diversité le rend précieux dans divers domaines.
- **Parallélisme** : de nombreux algorithmes inspirés de la nature peuvent être facilement parallélisés, en tirant parti des processeurs multi cœurs modernes et des environnements informatiques distribués, ce qui peut conduire à une convergence et à une recherche de solutions plus rapides.
- **Simplicité** : Certains de ces algorithmes sont relativement faciles à mettre en œuvre et nécessitent un réglage minimal des paramètres, ce qui les rend accessibles à un large éventail d'utilisateurs.
- **Exploration et exploitation** : Ces algorithmes atteignent un équilibre entre l'exploration (recherche de nouvelles solutions) et l'exploitation (amélioration des solutions connues), permettant la découverte de nouvelles solutions de haute qualité.

5.2. Inconvénients

- Sensibilité des paramètres : certains algorithmes bio-inspirés comportent de nombreux paramètres qui nécessitent un réglage fin pour des performances optimales. Trouver les paramètres corrects peut être une tâche longue et difficile.
- Manque de fondements théoriques : bien que ces algorithmes comportent des aspects théoriques, ils manquent souvent de fondements mathématiques solides, ce qui peut rendre difficile la prévision de leur comportement ou la garantie d'une convergence dans tous les cas.
- Intensité de calcul : les algorithmes inspirés de la nature peuvent nécessiter beaucoup de calculs, en particulier lorsqu'ils sont appliqués à des problèmes à grande échelle. Le temps requis pour la convergence peut être un facteur limitant dans certaines applications.
- Sélection de l'algorithme : Choisir l'algorithme bio-inspiré approprié pour un problème particulier peut être difficile. Cela nécessite souvent une expertise du domaine et des expérimentations pour déterminer l'approche la plus appropriée.

6. Conclusion

La taxonomie des algorithmes bio-inspirés est un domaine de recherche en constante évolution qui vise à classer et à organiser les différentes méthodes d'optimisation inspirées de la nature. Les algorithmes bio-inspirés sont devenus de plus en plus populaires ces dernières années en raison de leur capacité à résoudre des problèmes complexes de manière efficace et efficiente. La taxonomie des algorithmes bio-inspirés permet aux chercheurs de mieux comprendre les similitudes et les différences entre les différentes méthodes, ainsi que leurs forces et leurs faiblesses respectives. En fin de compte, la taxonomie des algorithmes bio-inspirés est un outil précieux pour les chercheurs et les praticiens qui cherchent à développer de nouvelles méthodes d'optimisation plus performantes pour résoudre des problèmes complexes dans divers domaines d'application.

Chapitre 4 : Méthodologie, Implémentation et Discussion

1. Introduction

Les techniques de segmentation des images médicales en particulier les IRM cérébrales, présentent un domaine vital qui contribue de manière significative à améliorer la compréhension sur les tissus humains et du diagnostic des maladies cancéreuses. Dans ce contexte, l'obtention d'une bonne segmentation pour l'analyse des images médicales constitue un défi important. Cependant, la performance des algorithmes de segmentation classiques est limitée, surtout dans la segmentation d'images médicales, où les pixels qui composent ces images se chevauchent en raison de la nature de ces images, notamment :

- Le nombre de clusters est généralement obtenu à l'aide des centres initiaux prédéfinis dans la plupart des techniques de clustering. Cela peut conduire à des résultats de clustering imprécis, surtout dans les ensembles des données complexes ou volumineux comme les images médicales où le nombre optimal des clusters est inconnu.
- D'autre part ces algorithmes utilisent généralement des méthodes de la recherche locale pour déterminer l'emplacement des centres, ce qui peut entraîner de tomber au problème du minimum locale.

Plusieurs recherches utilisent des algorithmes bio-inspirés pour éliminer le problème du minimum local.

[Kumar et al, \(2018\)](#) présente une approche pour la segmentation des images médicales par la combinaison de FireflyOptimization (FO) et Fuzzy C-Means (FCM). La méthode proposée optimise les paramètres de clustering à l'aide de FO pour améliorer la précision et la robustesse du FCM. FO est utilisée pour déterminer les valeurs optimales des paramètres FCM, y compris le nombre de clusters et le coefficient de flou. FCM est ensuite utilisé pour segmenter l'image en différentes régions. La méthode proposée a été évaluée sur des images CT et IRM.

Une autre étude réalisée par (Parth et al, 2018) propose une autre approche pour segmenter les tissus cérébraux dans les images IRM par la combinaison de l'algorithme Chaotic Firefly (CFA) et du clustering Fuzzy C-Means (FCM). CFA est utilisée pour déterminer les paramètres de clustering optimaux, y compris le nombre de clusters et le coefficient de flou. Le FCM est ensuite utilisé pour segmenter les tissus cérébraux en différentes régions. La méthode proposée a été évaluée sur des images IRM et donne de bons résultats.

Un autre algorithme hybride FCM-PSO basé sur la population pour l'analyse de clustering et la segmentation des images cérébrales est proposé par (Vermaet al.2021). Cette approche combine les atouts du PSO et du FCM en utilisant le PSO pour identifier les centres de clusters optimaux, qui sont ensuite utilisés par le FCM pour effectuer l'analyse de clustering et la segmentation des images cérébrales. Cet algorithme hybride basé sur la population a le potentiel de surmonter certaines des limitations des algorithmes FCM et PSO traditionnels et de fournir des résultats de clustering plus précis et plus efficaces.

Hong et al, (2018) : ont proposé une méthode hybride utilisant l'optimisation des mouches des fruits et le regroupement de densité maximale (PDC). Cette méthode améliore l'algorithme PDC original en sélectionnant automatiquement ses paramètres pour améliorer la qualité de la segmentation.

Khrissi et al, (2020) : ont proposé une méthode hybride en fusionnant un algorithme génétique et un algorithme de clustering à k-moyennes. Cette approche utilise des k-means et un filtre Sobel pour extraire la région de l'image. Par la suite, l'algorithme génétique optimise les classes finales en fusionnant deux régions selon un critère d'homogénéité.

Ce chapitre est consacré à l'étude et l'évaluation de trois approches de segmentation. La première consiste à fusionner l'algorithme FCM avec l'algorithme de la colonie d'abeilles artificielle. Dans la deuxième méthode on a développé un nouvel algorithme de segmentation qui a la capacité de segmenter les images et de déduire le nombre optimal des clusters dans lesquels les données doivent être segmentées. Troisièmement, nous avons amélioré cette dernière méthode en utilisant l'algorithme TSA pour améliorer les résultats et éviter le problème des minima locaux.

2. Dataset et Métriques d'évaluation

2.1. Description du dataset

L'ensemble de données d'IRM cérébrale disponible sur Kaggle, intitulé « Images IRM cérébrales pour la détection des tumeurs cérébrales »¹, est une collection d'analyses d'imagerie par résonance magnétique (IRM) spécifiquement organisées dans le but de détecter les tumeurs cérébrales.

Cet ensemble de données se compose de deux catégories principales d'images : la première représente des cerveaux avec des tumeurs et l'autre sans tumeurs, servant respectivement des classes positives et négatives. L'ensemble de données est structuré avec des dossiers étiquetés, où chaque dossier représente une classe ou une catégorie différente.

Les images sont stockées au format DICOM, qui est le format standard pour les données d'imagerie médicale, permettant une intégration et une analyse facile dans les logiciels et bibliothèques d'imagerie médicale.

¹<https://www.kaggle.com/datasets/navoneel/brain-mri-images-for-brain-tumor-detection/data>

Cette base de données fournit des informations visuelles détaillées sur les structures internes du cerveau, permettant l'identification et l'analyse d'anomalies potentielles, telles que des tumeurs. Ces images sont généralement haute résolution et multidimensionnelles, fournissant un aperçu de divers aspects de l'anatomie et de la pathologie du cerveau. Les chercheurs et les praticiens intéressés par la détection des tumeurs cérébrales, l'analyse d'images médicales et les applications d'apprentissage automatique dans le domaine de la santé peuvent exploiter cet ensemble de données pour former et évaluer des algorithmes destinés à la détection et à la classification automatisées des tumeurs. En outre, la disponibilité des données étiquetées les rend adaptées aux approches d'apprentissage supervisé, dans lesquelles les modèles peuvent apprendre à partir d'exemples pour identifier et classer avec précision les tumeurs cérébrales dans les nouveaux examens IRM.

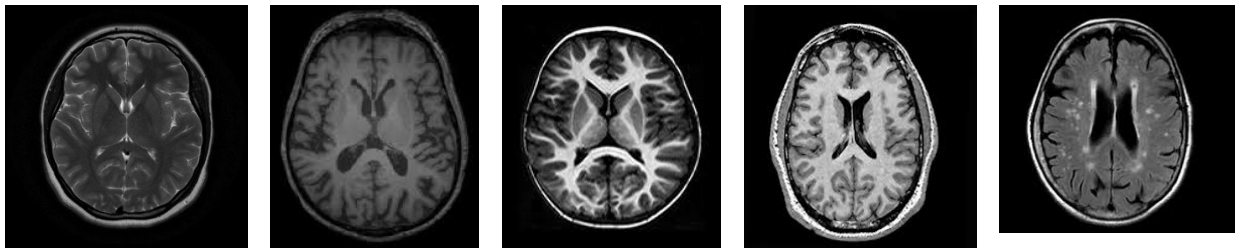


Figure 4.1. Extrait du dataset des images IRM cérébrales

2.2. Métriques d'évaluation

Les métriques de validation du clustering sont des mesures quantitatives utilisées pour évaluer la qualité des résultats du clustering. Ils fournissent un moyen d'évaluation pour mesurer un algorithme de clustering est capable de regrouper des points de données similaires et de séparer les points de données différents en différents clusters. Les métriques de validation de clustering peuvent aider à comparer différents algorithmes de clustering, pour sélectionner le meilleur algorithme ou les meilleurs paramètres pour un ensemble de données et à fournir des informations sur la structure des données. Ces métriques

peuvent être globalement classées en deux types : les métriques externes et internes (Arora et al., 2020). Les métriques externes évaluent la qualité des résultats du clustering sur la base d'une image vérité terrain connue, telle qu'un ensemble de points de données étiquetés, tandis que les métriques internes évaluent la qualité des résultats du clustering sur la base des propriétés intrinsèques des données, sans référence à des informations externes (Amelio, 2018).

2.2.1. Métriques externes

Précision

La précision est une métrique d'évaluation couramment utilisée dans le domaine de l'apprentissage automatique et de la classification pour mesurer la performance d'un modèle à identifier correctement les cas positifs. Elle est particulièrement utile dans les situations où il est important de minimiser les faux positifs, c'est-à-dire les cas où le modèle prédit à tort qu'un échantillon appartient à une classe positive (ou à un objet d'intérêt) alors qu'il appartient en réalité à la classe négative.

La précision est définie comme le rapport entre le nombre de vrais positifs (TP) et la somme des vrais positifs et des faux positifs (FP) :

$$\frac{TP}{TP + FP} \quad (4.1)$$

Rappel

Le rappel, également connu sous le nom de sensibilité (sensitivity) ou taux de vrai positif (true positive rate), est une métrique d'évaluation couramment utilisée dans le domaine de l'apprentissage automatique et de la classification pour mesurer la performance d'un modèle à identifier correctement les cas positifs. Il est particulièrement utile dans les situations où il est important de minimiser les faux négatifs, c'est-à-dire les cas où le modèle

échoue à prédire correctement qu'un échantillon appartient à une classe positive (ou à un objet d'intérêt).

Le rappel est défini comme le rapport entre le nombre de vrais positifs (TP) et la somme des vrais positifs et des faux négatifs (FN) :

$$\frac{TP}{TP + FN} \quad (4.2)$$

Le rappel varie entre 0 et 1. Une valeur de 1 indique que le modèle identifie parfaitement tous les cas positifs, tandis qu'une valeur proche de 0 indique que le modèle a du mal à distinguer les cas positifs des cas négatifs. Un bon modèle de classification doit avoir un rappel élevé, en particulier dans les applications où les faux négatifs peuvent avoir des conséquences importantes, comme dans le diagnostic médical.

Spécificité

La spécificité mesure la performance d'un modèle à identifier correctement les cas négatifs. Elle est particulièrement utile dans les situations où il est important de minimiser les faux positifs, c'est-à-dire les cas où le modèle prédit à tort qu'un échantillon appartient à une classe positive (ou à un objet d'intérêt) alors qu'il appartient en réalité à la classe négative.

La spécificité est définie comme le rapport entre le nombre de vrais négatifs et la somme des vrais négatifs et des faux positifs :

$$\frac{TN}{TN + FP} \quad (4.3)$$

La spécificité varie entre 0 et 1. Une valeur de 1 indique que le modèle identifie parfaitement tous les cas négatifs, tandis qu'une valeur proche de 0 indique que le modèle a du mal à distinguer les cas négatifs des cas positifs. Un bon modèle de classification doit

avoir une spécificité élevée, en particulier dans les applications où les faux positifs peuvent avoir des conséquences importantes, comme dans le diagnostic médical.

Vrai positif (TP) : présente un résultat dans lequel le modèle prédit correctement la classe positive du pixel.

Vrai négatif (TN) : présente un résultat dans lequel le modèle prédit correctement la classe négative du pixel.

Faux positif (FP) : présente un résultat dans lequel le modèle prévoit avec précision la classe positive du pixel.

Faux négatif (FN) : est un résultat dans lequel le modèle prévoit à tort le pixel de classe négative

2.2.2. Métriques internes

Indice Davies–Bouldin (DBI)

C'est une métrique de validation de clustering utilisée pour évaluer la qualité d'un clustering (Davies et Bouldin, 1979). L'indice mesure la similarité moyenne entre chaque cluster et son cluster le plus similaire, en tenant compte de la taille des clusters. Plus l'indice est petit, le clustering est meilleure. Pour calculer le DBI, pour chaque cluster, l'index calcule la distance moyenne entre chaque point du cluster et le centre de gravité du cluster. Ensuite, pour chaque cluster, l'index recherche le cluster le plus similaire en termes de la distance moyenne au centre. Enfin, l'indice calcule le rapport entre la somme des distances moyennes au sein de chaque cluster et la distance entre le centre des deux clusters. Le processus est répété pour tous les clusters et la moyenne des ratios est prise comme indice final. Le DBI est défini comme suit :

$$DBI = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k \max_{i \neq j} R_{i,j} \quad (4.4)$$

Où k est le nombre de clusters La similarité entre deux clusters I et J est notée $R_{i,j}$ et est définie comme suit :

$$R_{i,j} = \frac{S_i + S_j}{d_{i,j}} \quad (4.5)$$

Où S_i est la moyenne entre chaque point du cluster I et le centre de ce cluster et $d_{i,j}$ la distance entre le centre du cluster I et j .

Coefficient de Silhouette

Le coefficient de silhouette mesure la similitude d'un objet avec son propre cluster par rapport aux autres clusters (Rousseeuw, 1987). Il prend en compte la distance moyenne entre un objet et tous les autres points du même cluster, ainsi que la distance moyenne entre l'objet et tous les autres points du cluster voisin le plus proche. Pour calculer le coefficient de silhouette pour un objet donné, on calcule d'abord la distance moyenne entre l'objet et tous les autres points du même cluster. Ensuite on calcule la distance moyenne entre l'objet et tous les autres points du cluster voisin les plus proches. Le coefficient de silhouette de l'objet est défini comme la différence entre ces deux valeurs, divisée par le maximum des deux valeurs. Le coefficient de silhouette varie de -1 à 1, où une valeur de 1 indique que l'objet correspond bien au sien. Cluster et mal adapté aux clusters voisins. Une valeur de 0 indique que l'objet est également similaire à son propre cluster et aux clusters voisins, et une valeur de -1 indique que l'objet est mal adapté à son propre cluster et bien adapté aux clusters voisins. Le Coefficient Silhouette (SC) index est défini comme suit :

$$S = \frac{a - b}{\max(b, a)} \quad (4.6)$$

Où a est la distance moyenne entre chaque point d'un cluster et b est la distance moyenne entre tous les clusters.

3. Approche 1 : Segmentation des images IRM cérébrales par hybridation FCM-ABC

3.1. Présentation de l'algorithme de la colonie d'abeilles artificielle ABC

Les abeilles mellifères sont des insectes sociaux, qu'elles vivent ensemble dans des groupes familiaux bien organisés. Ils sont très évolués qui se livrent à une variété de tâches complexes non pratiquées par la multitude d'insectes solitaires. (Karaboga, 2007) a proposé un algorithme stochastique basé sur l'intelligence des abeilles. Cet algorithme simule les actions des abeilles intelligentes dans le but de la recherche des sources de nourriture. Pour résoudre divers problèmes d'optimisation. Dans la colonie, les abeilles sont divisées en trois groupes selon leur rôle

- **Abeilles employées** : elles partent à la recherche des sources de nourriture riches et après être revenues à la ruche, ils échangent les informations avec des abeilles observatrices avec une certaine probabilité.
- **Abeilles observatrices** : Les abeilles observatrices sélectionnent les positions alimentaires en utilisant les informations issues des abeilles employées et exploitent les positions alimentaires sélectionnées.
- **Abeilles éclaireuses** : elles interprètent certaines abeilles butineuses qui abandonnent leurs sources et commencent à en chercher de nouvelles. La recherche d'exploration est effectuée par eux.

Dans cet algorithme d'optimisation l'emplacement de la source de nourriture est traité comme la solution possible d'un problème donné et la quantité de nectar dans ces sources de nourriture comme la forme physique, c'est-à-dire la qualité de la solution associée. Une abeille employée correspond à une source de nourriture ; par conséquent, le nombre total d'abeilles employées est le même que le nombre des solutions, c'est-à-dire de sources de nourriture.

Ainsi, l'algorithme fonctionne comme suit :

Initialisation : L'algorithme commence par initialiser une population de solutions aléatoires, appelées "abeilles employées". Chaque solution représente une position dans l'espace de recherche.

Évaluation : Les abeilles employées évaluent la qualité de leur position actuelle en utilisant une fonction de fitness défini par l'équation suivante :

$$fit_m(x_m) = \begin{cases} \frac{1}{1 + fit_m(x_m)} & \text{if } fit_m(x_m) \geq 0 \\ 1 + abs(fit_m(x_m)) & \text{if } fit_m(x_m) < 0 \end{cases} \quad (4.7)$$

Où x_k est la solution choisie au hasard

Recherche locale : Pour chaque abeille employée, une recherche locale est effectuée dans le voisinage de sa position actuelle pour trouver une nouvelle position avec une meilleure qualité.

Partage d'informations : Les abeilles employées partagent les informations sur les positions qu'elles ont trouvées avec les "abeilles observatrices". Les abeilles observatrices sont connues pour s'engager dans une tâche cruciale consistant à identifier l'emplacement

exacte de diverses sources de nourriture. Obtenu grâce à un processus d'observation méticuleux, qui implique de surveiller de près les mouvements complexes de la danse des abeilles employées.

Exploration : Les abeilles observatrices effectuent une recherche dans le voisinage de la position sélectionnée pour trouver une nouvelle position avec une meilleure qualité.

Une fois qu'une source appropriée a été identifiée, l'abeille observatrice sélectionne une source voisine. Par la suite, une évaluation de la quantité de nectar de la source choisie est réalisée avec la plus grande précision. La probabilité que x_m soit choisi par l'abeille observatrice est :

$$p_i = \frac{FIT_i}{\sum FIT_j} \quad (4.8)$$

Sélection : Les abeilles employées et observatrices sélectionnent la meilleure position trouvée jusqu'à présent comme leur nouvelle position.

Abandon : Si une abeille employée ne parvient pas à améliorer sa position après un certain nombre d'itérations, elle est considérée comme étant "épuisée" et est remplacée par une nouvelle abeille employée initialisée aléatoirement.

Supposons x_i comme source abondante, alors la nouvelle source de nourriture identifiée par l'abeille éclaireuse est remplacée par la précédente, qui est défini par :

$$x_{i,j} = lb_j + rand(0.1)(UB_j + LB_j) \quad (4.9)$$

UB et LB sont les limites supérieure et inférieure de la j^{ieme} dimension.

Terminaison : L'algorithme se termine lorsque le nombre maximum d'itérations est atteint ou que la qualité de la solution n'a pas été améliorée pendant un certain nombre d'itérations.

3.2. Segmentation des images IRM cérébrales par hybridation FCM-ABC

L'algorithme FCM est une technique de segmentation non linéaire basée sur la théorie des ensembles flous. Mais, sa limite réside dans le fait qu'il utilise une méthode de recherche locale pour déterminer l'emplacement final des centres des clusters conduisant à des minimas locaux. Pour surmonter ce défi, il est nécessaire d'améliorer l'algorithme à l'aide des techniques d'optimisation qui sont basées sur des méthodes de recherche globale.

Dans cette recherche, nous avons amélioré l'algorithme FCM par l'algorithme des abeilles artificielles (ABC). L'ABC est utilisé pour déterminer les meilleurs centres de cluster où la position de chaque particule dans la population indique une solution probable de N dimensions, chaque dimension représente un centre de cluster. Les solutions sont évaluées pendant l'exécution en utilisant la fonction objective du FCM.

3.2.1. Mécanisme de fonctionnement de l'algorithme FCM-ABC

Phase d'initialisation des abeilles

Nous initialisons la taille de la population initiale de l'essaim, le nombre d'itérations, et la dimension du problème qui présente la liste des centres dans chaque source de nourriture. Nous choisissons au hasard la moitié des individus de la population initiale qui présente les abeilles employées où chaque individu présente une solution probable et chaque solution se compose d'un nombre fixe de dimensions. Chaque dimension présente un pixel, comme le montre la figure suivante :

60	10	100	230
120	50	200	5

220	50	10	1
40	220	30	150

Figure 4.2. Sélection de la population initiale

Une évaluation de chaque individu est effectuée par la fonction objective du FCM présentée par la formule 4.7 et qui sera minimisée pendant le fonctionnement de notre algorithme.

$$J_{(u,v)} = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^c (u_{ij})^m \|X_i - V_j\|^2 \quad (4.10)$$

Où $\|X_i - V_j\|$ est la distance minimale entre les centres de cluster i^{th} et j^{th} . La valeur du degré d'appartenance $(u_{ij})^m$ de chaque pixel est calculé comme suit :

$$u_{ij} = \frac{1}{\sum_{k=1}^c (d_{ij}/d_{ik})^{(2/m-1)}} \quad (4.11)$$

Chaque abeille employée modifie la valeur d'une dimension et choisira aléatoirement une autre valeur de dimension correspondante d'une autre abeille employée, en utilisant l'équation suivante :

$$y_{\text{new}} = X_y + n(X_y - X1_y) \quad (4.12)$$

Où X_y représente la valeur de la dimension de l'individu et $X1_y$ présente la dimension similaire de l'autre abeille et n présente une valeur entre $[0,1]$. Le processus de cette étape est présenté dans la figure suivante :

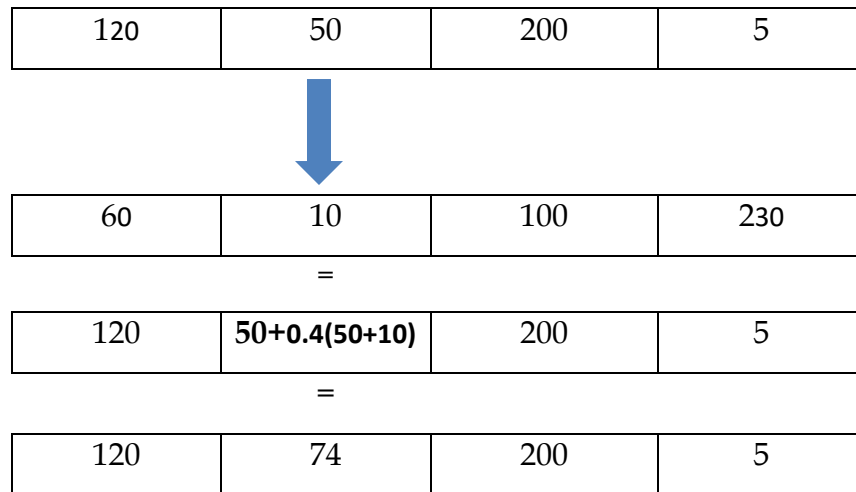


Figure 4.3 Modification de la valeur à l'aide du partenaire

Après en recalcul la valeur de fitness de cet individu Si cette nouvelle valeur est meilleure que la valeur précédente on va modifier la dimension par la nouvelle valeur, sinon on laisse la valeur précédant et l'itération sera augmenté par 1.

Dans la phase suivante en vas calculer la probabilité de chaque individu en utilisant la fonction suivante :

$$Prob=f(y)/\sum_{y=1}^{nl} f(y) \tag{4.13}$$

Après on choisira un nombre aléatoire r entre 0 et 1. Si la valeur de probabilité calculée est moins que r , alors son améliore l'individu à travers l'étape précédente sinon on passe à l'individu suivant. Dans la partie finale de l'abeille éclairouse, si un individu n'a pas été

modifié après N itération on va le changer par un choix aléatoire d'un autre individu dans la population.

Toute ces étapes sont présentées dans l'organigramme suivant :

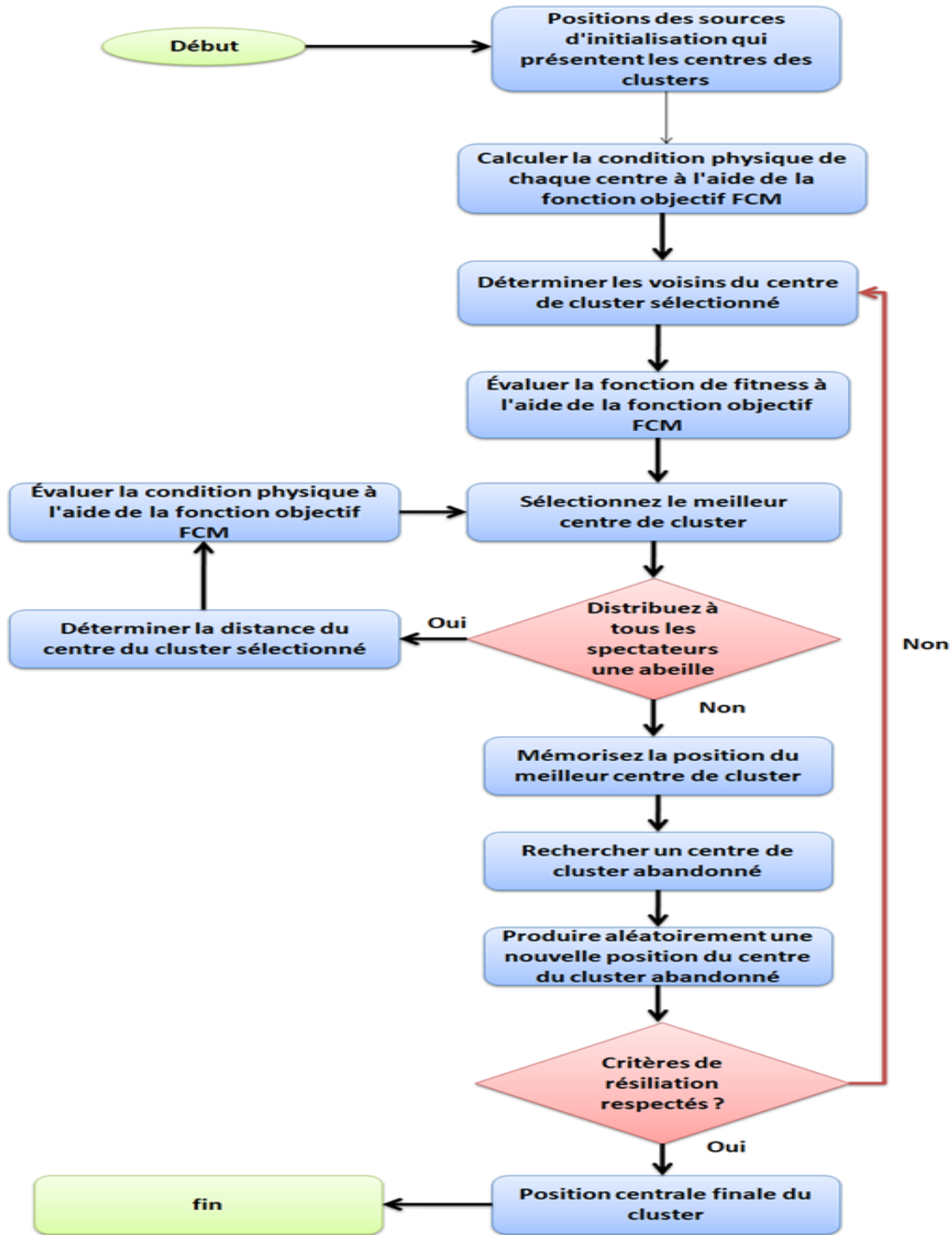


Figure 4.4. Organigramme de l'approche FCM-ABC

Nous résumons le fonctionnement de l'algorithme FCM-ABC par le pseudo-code suivant:

Algorithme 1 : algorithme hybride ABC-FCM

Entrée : ensemble de données, nombre de clusters, degré d'appartenance, population de sources de nourriture, itération maximale *MaxIt*

Étape 1 : Phase d'initialisation

Initialiser la taille de la population de l'essaim (M).

Nombre d'itérations (N).

Dimension du problème qui présente la liste des centres dans chaque source de nourriture (D).

Nombre de sources de nourriture $f=M/D$.

Itération $T=0$.

Étape 2 : Phase d'abeilles employées

Initialisez f au hasard source de nourriture avec la dimension D et l'essai de chacune est égal à 0.

Calculez la fonction objective de chaque source de nourriture en utilisant l'équation 4.13.

Pour chaque source de nourriture

Choisissez un centre dans sa liste et choisissez son partenaire parmi toutes les autres sources de nourriture dans le même axe.

Calculer de nouvelles valeurs de la fonction objective.

Si les nouvelles valeurs sont inférieures aux anciennes, alors

Remplacer le centre de l'ancienne source de nourriture par un nouveau centre.

Étape 3 Phase des abeilles observatrices :

Pour chaque source de nourriture, calculez la probabilité à l'aide de l'équation 4.13

Si la probabilité est supérieure à r alors

Choisissez un centre dans sa liste et choisissez son partenaire parmi toutes les autres

sources de nourriture dans le même axe.

Calculer de nouvelles valeurs de la fonction objective

Si les nouvelles valeurs sont inférieures aux anciennes

remplacez le centre de l'ancienne source de nourriture par le nouveau centre.

Étape 4 Phase de reconnaissance des abeilles

Pour chaque source de nourriture si essai = limite

Supprimez cette source de nourriture et initialisez aléatoirement une autre source de nourriture. Répétez les étapes 1, 2 et 3 jusqu'à la fin de l'itération.

3.2.2. Résultats et discussion

Dans cette phase, les paramètres utilisés sont :

- le nombre de cluster est 4,
- le nombre d'itérations ABC est 60,
- le degré d'appartenance du FCM égale à 2,
- la valeur d'épsilon est 0.02,
- le nombre de population ABC est 8 avec une dimension égale à 4.

Les résultats de segmentation sont présentés dans la Figure 4.5.

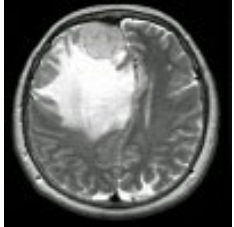

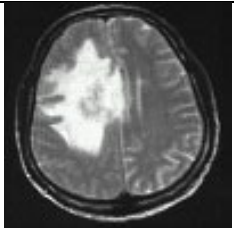

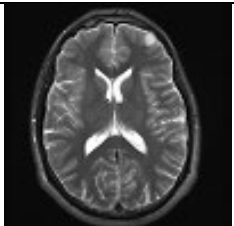
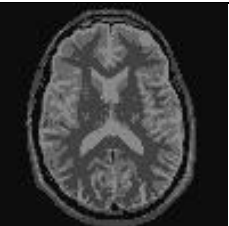

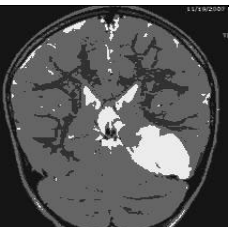
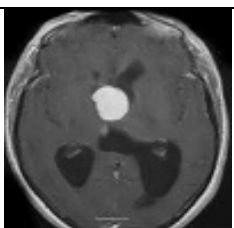
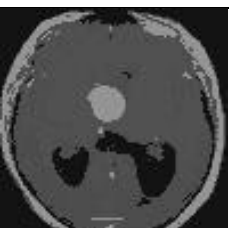
Image Originale	FCM-ABC
	
	
	
	
	

Figure 4.5. Segmentation des images IRM cérébrales par FCM-ABC

4. Approche 2 : Nouvelle méthode de segmentation

4.1. Présentation de l'algorithme

Notre approche implique une stratégie d'optimisation non linéaire qui vise à déduire le nombre optimal des centres de cluster et segmenter les données. Initialement, nous initialisons une valeur seuil de manière aléatoire des centres du cluster, leurs nombres et leur position sera changeant au fur et à mesure de la progression de l'algorithme. Une fois que nous obtenons la liste finale des centres de cluster, nous attribuons chaque point de données à au centre le plus proche en utilisant la distance euclidienne. Étant donné que les centres sont initialisés de manière aléatoire à chaque exécution et que notre algorithme exploite la recherche locale du positionnement du centre, il n'est pas déterministe. Par conséquent, différentes initialisations utilisées dans diverses expériences donneront des résultats variés.

Le fonctionnement de notre algorithme se résume aux étapes suivantes :

Étape 1 : Nous déterminons aléatoirement les centres des clusters initiaux et la valeur du seuil ϑ .

Étape 2 : Pour chaque point de données, nous calculons la distance entre ce point et le centre de chaque cluster à l'aide de la formule de distance euclidienne :

$$d(x, y) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - x_i)^2} \quad (4.14)$$

Où y_i est la coordonnée de l'élément donnée et x_i la coordonnée du centre

Étape 3 : En fonction de la distance minimale obtenue ci-dessus :

- Si un point de données est proche d'un seul centre de cluster, nous l'attribuons à ce cluster.
- Si un point de données est proche d'au moins deux centres de cluster, nous avons deux options :
 - Si la distance minimale est inférieure ou égale à la valeur seuil, nous supprimons les centres les plus proches de la liste des centres et considérons le point de données comme un nouveau centre. Nous revenons à l'étape 2.
 - Si la distance minimale dépasse la valeur seuil, nous considérons le point de données comme un nouveau centre de cluster et nous revenons à l'étape 2.

Nous résumons notre algorithme dans l'organigramme suivant :

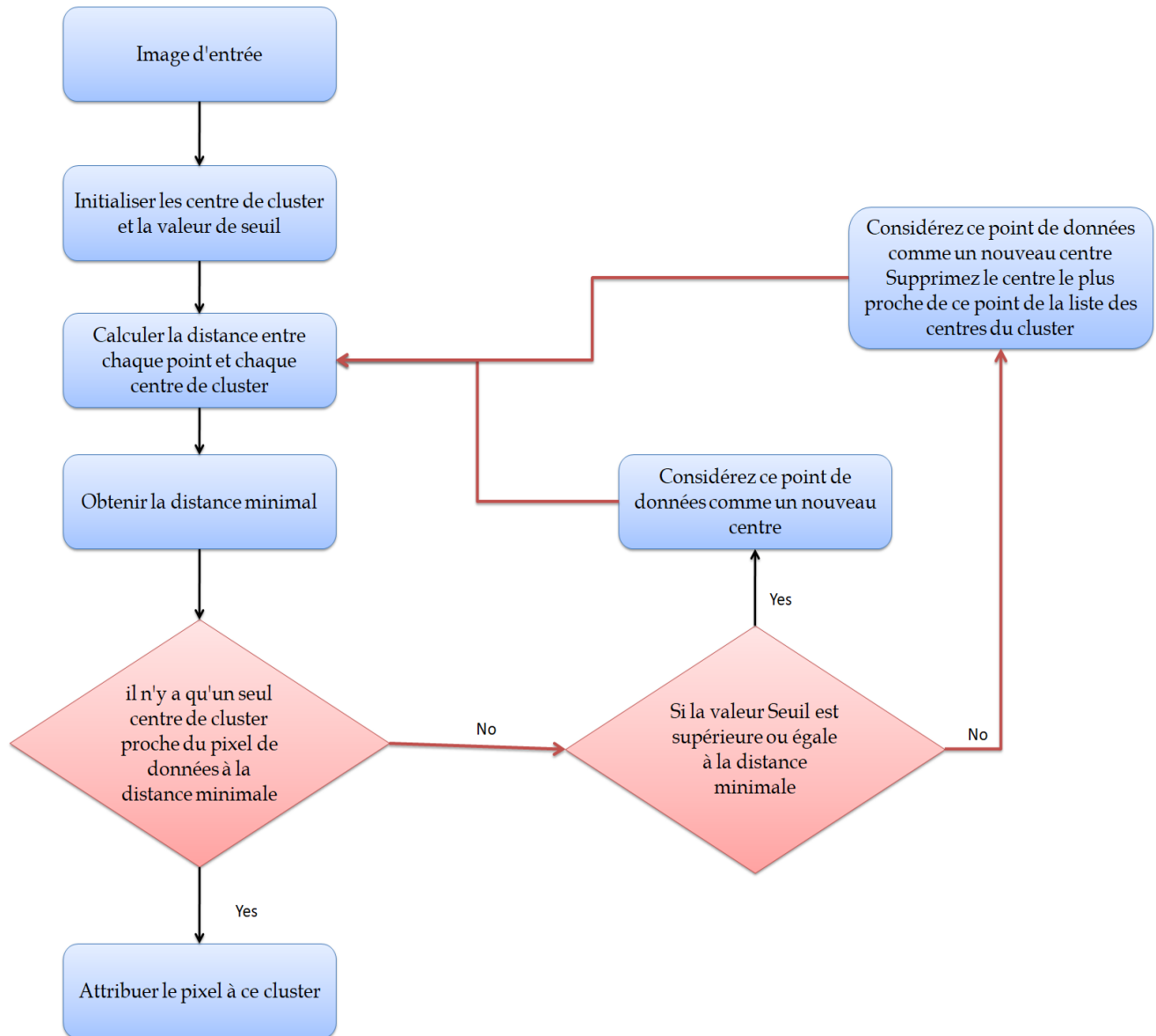


Figure 4.6. Organigramme de notre nouvel algorithme de segmentation.

Le pseudo code de notre algorithme se présente comme suit :

Algorithme:

- 1 Input:
- 2 Data: Dataset = $\{x_1, x_2, \dots, x_N\}$
- 3 N : Nombre de clusters
- 4 Nr : nombre du cluster le plus proches
- 5 Mindist: La distance minimal
- 6 Th: La valeur du seuil
- 7 I: Le point de donnée
- 8 Resultat: donnée à segmenter
- 9 Debut
- 10 Initialiser N centre cluster aléatoire
- 11 Initialiser la valeur du seuil Th
- 12 Tant que (i dans Data) faire
- 13 Calculer Mindist entre I et chaque cluster central
- 14 Détermine la valeur Nr
- 15 Si (Nr =1) alors
- 16 Attribuez le point de données i au centre du cluster le plus proche
- 17 Sinon si (Nr >1 et Mindist < Th)
- 18 Supprimer le centre de cluster le plus proche de N
- 19 Considérez i comme nouveau centre de cluster
- 20 Retour au debut
- 21 Sinon si (Nr >1 et Mindist >= Th) alors
- 22 Considérez i comme nouveau centre de cluster
- 23 Retour au debut

- 24 Fin si
- 25 Fin Tant que
- 26 Fin

4.2. Résultats et discussion

On a choisi un nombre initial des centres de cluster, puis lors de l'exécution, ce nombre est mis à jour en fonction du type des données pour obtenir le nombre approprié des centres de cluster. Par attribution de chaque élément des données à un centre du cluster le plus proche, une segmentation est effectuée.

Notre algorithme de segmentation a été testé avec quatre centres de cluster initiaux et six valeurs différentes de seuil. Nous notons que les pixels de l'image sont traités comme une population et que les centres initiaux des clusters sont sélectionnés à partir de cette population. Les résultats sont présentés dans la Figure 4.7.

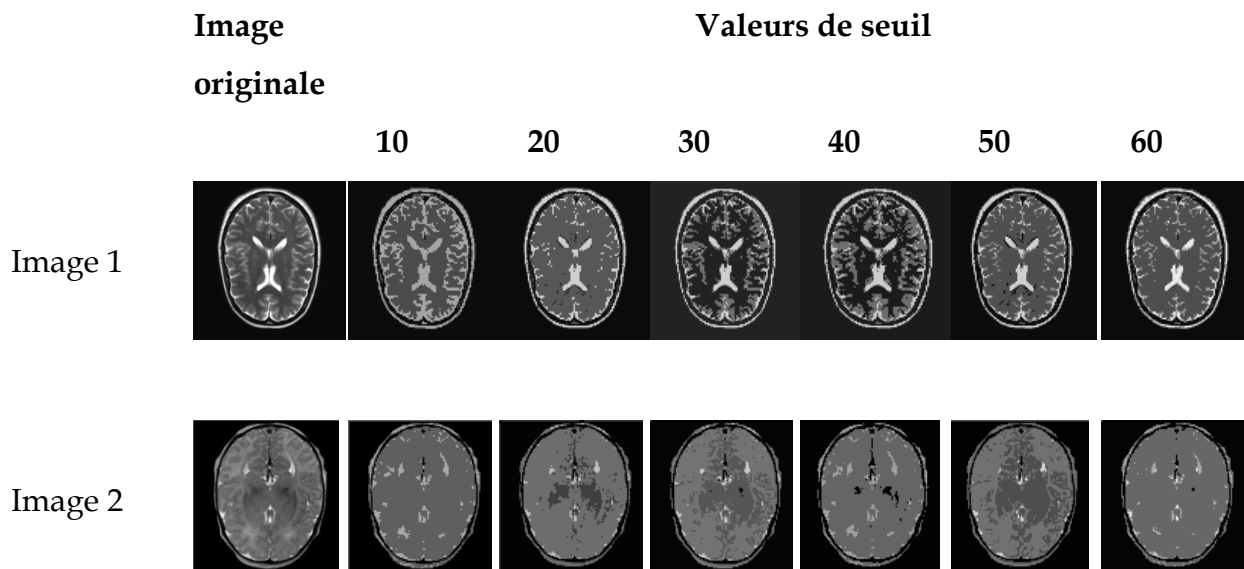


Image 3

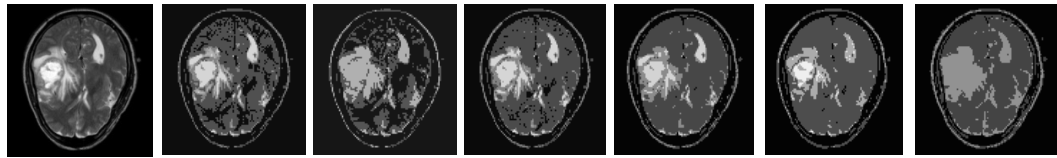


Image 4



Image 5

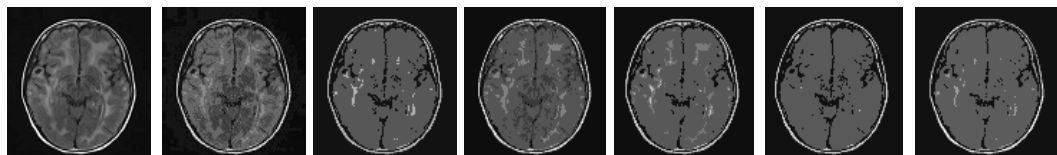


Image 6

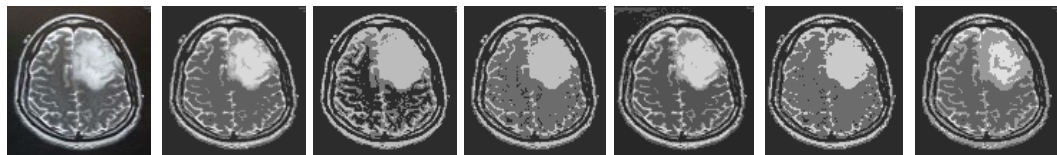


Image 7

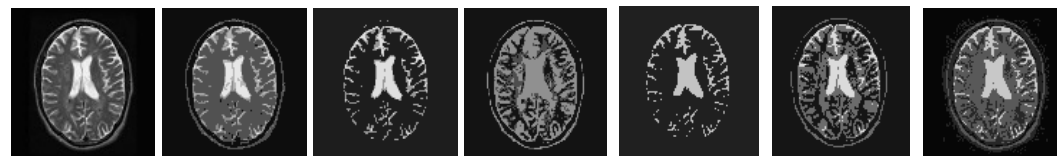


Image 8

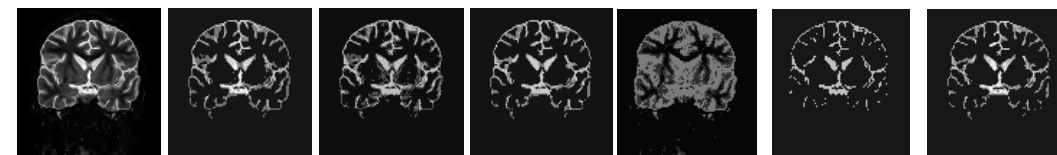


Image 9

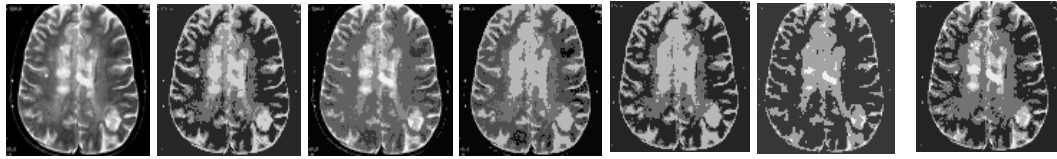


Image 10

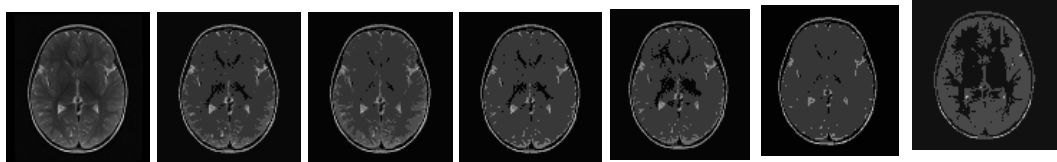


Figure 4.7. Segmentation des images IRM cérébrales par l’algorithme proposé avec différentes valeurs de seuil

Nous avons évalué le résultat de segmentation en utilisant l’indice Davies-Bouldin index (DBI) et le coefficient de silhouette (SC). Les performances sont présentées dans le tableau 4.3.

Image originale	Index	Valeurs de seuil					
		10	20	30	40	50	60
Image1	DBI	0.51	0.47	0.49	0.48	0.41	0.38
	SC	0.77	0.714	0.55	0.56	0.77	0.80
Image2	DBI	0.51	0.46	0.460	0.45	0.47	0.38
	SC	0.68	0.68	0.65	0.73	0.67	0.74
Image3	DBI	0.48	0.52	0.438	0.39	0.41	0.45
	SC	0.62	0.527	0.713	0.78	0.76	0.76
Image4	DBI	0.45	0.44	0.70	0.46	0.42	0.42
	SC	0.613	0.60	0.52	0.71	0.69	0.68
Image5	DBI	0.66	0.45	0.50	0.44	0.35	0.41

	SC	0.389	0.76	0.670	0.68	0.76	0.76
Image6	DBI	0.50	0.49	0.45	0.49	0.46	0.44
	SC	0.609	0.524	0.63	0.58	0.64	0.57
Image7	DBI	0.286	0.43	0.64	0.41	0.61	0.61
	SC	0.694	0.58	0.47	0.69	0.62	0.62
Image8	DBI	0.38	0.49	0.46	0.63	0.44	0.44
	SC	0.69	0.63	0.72	0.58	0.72	0.72
Image9	DBI	0.57	0.47	0.47	0.58	0.53	0.53
	SC	0.39	0.58	0.60	0.41	0.45	0.47
Image10	DBI	0.46	0.45	0.44	0.44	0.36	0.44
	SC	0.72	0.74	0.75	0.72	0.76	0.61
Image11	DBI	0.54	0.76	0.52	0.47	0.44	0.41
	SC	0.55	0.32	0.45	0.60	0.71	0.710
Image12	DBI	0.45	0.56	0.47	0.42	0.37	0.57
	SC	0.78	0.73	0.69	0.790	0.74	0.795
Image13	DBI	0.49	0.44	0.43	0.45	0.46	0.41
	SC	0.69	0.67	0.67	0.68	0.59	0.74
Image14	DBI	0.53	0.56	0.35	0.32	0.50	0.65
	SC	0.46	0.62	0.68	0.72	0.58	0.30
Image15	DBI	0.43	0.43	0.51	0.55	0.42	0.51
	SC	0.67	0.672	0.49	0.37	0.64	0.52
Image16	DBI	0.45	0.48	0.52	0.41	0.41	0.33
	SC	0.66	0.62	0.67	0.75	0.70	0.76
Image17	DBI	0.56	0.44	0.50	0.49	0.36	0.55
	SC	0.57	0.71	0.44	0.49	0.72	0.66

Image18	DBI	0.61	0.43	0.61	0.48	0.59	0.47
	SC	0.44	0.62	0.30	0.59	0.53	0.55
Image19	DBI	0.40	0.54	0.50	0.67	0.45	0.46
	SC	0.59	0.59	0.58	0.34	0.64	0.68
Image20	DBI	0.46	0.47	0.64	0.45	0.50	0.31
	SC	0.59	0.71	0.28	0.70	0.67	0.72
Image21	DBI	0.51	0.50	0.52	0.51	0.44	0.49
	SC	0.59	0.46	0.49	0.57	0.65	0.53
Image22	DBI	0.43	0.49	0.45	0.38	0.44	0.44
	SC	0.57	0.67	0.56	0.62	0.57	0.57
Image23	DBI	0.49	0.47	0.48	0.42	0.41	0.55
	SC	0.64	0.56	0.52	0.62	0.60	0.24
Image24	DBI	0.54	0.46	0.47	0.49	0.46	0.48
	SC	0.35	0.62	0.65	0.55	0.68	0.71
Image25	DBI	0.45	0.49	0.44	0.50	0.32	0.35
	SC	0.66	0.62	0.52	0.69	0.73	0.71
Image26	DBI	0.42	0.53	0.55	0.48	0.41	0.39
	SC	0.71	0.61	0.55	0.71	0.80	0.78
Image27	DBI	0.49	0.48	0.39	0.48	0.51	0.44
	SC	0.63	0.63	0.66	0.65	0.66	0.67
Image28	DBI	0.49	0.50	0.49	0.46	0.49	0.49
	SC	0.64	0.61	0.62	0.59	0.65	0.61
Image29	DBI	0.44	0.49	0.48	0.46	0.38	0.45
	SC	0.69	0.69	0.69	0.75	0.75	0.55
Image30	DBI	0.45	0.38	0.37	0.48	0.38	0.39

	SC	0.76	0.81	0.81	0.72	0.72	0.76
Résultatmoyen	DBI	0.481	0.485	0.492	0.472	0.440	0.455
	SC	0.614	0.629	0.588	0.632	0.673	0.644

Table 4.3. Résultats de performance de segmentation des images IRM cérébrales par l'algorithme proposé avec différentes mesures.

Les résultats obtenus indiquent qu'une valeur seuil de 50 produits le meilleur résultat, avec un DBI moyen de 0,440 et un coefficient de silhouette de 0,673. De plus, nous avons observé que le nombre de clusters obtenus après segmentation de chaque image était compris entre trois et quatre.

5. Approche 3 : Amélioration de l'approche 2 par l'algorithme de grain d'arbre

5.1. Présentation générale de l'algorithme de grain d'arbre

L'algorithme de graine d'arbre (tree seed algorithm ou TSA en anglais) est un type d'algorithme d'optimisation inspiré du processus de croissance des arbres dans la nature proposée par Kiran (Kiran, 2015). Il s'agit d'un algorithme d'optimisation méta-heuristique qui simule le processus de germination, de croissance et de développement des graines dans les plantes pour générer des nouvelles solutions aux problèmes d'optimisation. TSA a été appliqué à un large éventail de problèmes d'optimisation dans divers domaines, notamment l'ingénierie, la finance et la biologie. Son efficacité est due en partie à sa capacité à équilibrer l'exploration et l'exploitation de l'espace de solutions, et à générer des solutions diversifiées et de haute qualité qui sont souvent difficiles à

trouver par d'autres méthodes d'optimisation. Il se fonctionne en commençant par un nombre initial de solutions, qui sont ensuite développées et améliorées grâce à un processus de croissance et de sélection itérative. Chaque solution de départ représente une solution potentielle au problème d'optimisation et évaluée sur la base d'une fonction d'aptitude qui mesure ses performances ou sa qualité. L'algorithme procède ensuite à la croissance et à la modification itérative des solutions initiale, en ajoutant des nouvelles « branches » à l'arbre en apportant de petites modifications aléatoires aux solutions existantes. Ces modifications sont apportées dans le but d'améliorer l'adéquation de la solution et sont guidées par divers facteurs tels que la similarité entre les solutions actuelles et les nouvelles, la distance entre la solution actuelle et la solution optimale et le degré de diversité parmi les solutions. Au fur et à mesure que l'algorithme TSA continue de croître et de modifier l'arbre, il converge progressivement vers un ensemble de solutions optimales qui représentent les meilleures solutions possibles à un problème d'optimisation. L'algorithme peut également incorporer des techniques telles que l'élagage et la mutation pour supprimer les branches les moins prometteuses et promouvoir l'exploration de nouvelles zones de l'espace des solutions. Le nombre de graines de chaque arbre est choisi au hasard. Même s'il doit y en avoir au moins un, il est recommandé qu'il représente entre 10 % et 25 % du nombre total d'arbres. Ces graines sont créées sur la base de valeurs de tendance de recherche, qui sont utilisées pour sélectionner le meilleur arbre ou un arbre aléatoire pendant le développement des graines, et en utilisant deux équations de production de graines :

$$S_{k,j} = T_{i,j} + a_{i,j} * (B_j - T_{i,j}) \quad (4.15)$$

$$S_{k,j} = T_{i,j} + a_{i,j} * (T_{i,j} - T_{r,j}) \quad (4.16)$$

Où $S_{k,j}$ est la j^{th} dimension de la k^{th} graine du i^{th} arbre. $T_{i,j}$ désigne la j^{th} dimension de l'arbre. B_j est la j^{th} dimension du meilleur placement d'arbre découvert. $T_{r,j}$ désigne la j^{th}

dimension du r^{th} arbre, qui est choisi au hasard parmi la population. I et J sont les facteurs d'échelle, qui sont choisis aléatoirement dans l'intervalle $[-1,1]$.

Au cours du processus de recherche, une sélection est effectuée parmi les graines de chaque arbre et la meilleure graine est identifiée. Si la qualité de la meilleure graine est supérieure à celle de l'arbre, l'arbre se flétrit et la meilleure graine prend sa place. Le TSA est exécuté jusqu'à ce que toutes les conditions d'arrêt soient remplies.

5.2. Hybridation de l'approche 2 avec de l'algorithme de grain d'arbre

La dépendance à la recherche locale pour positionner les centres de cluster présente un défi important avec notre algorithme de clustering, ainsi que d'autres approches similaires. Cela peut conduire à des centres de cluster incohérents et à des résultats de clustering variables, même en cas d'utilisation de paramètres identiques pour plusieurs exécutions de l'algorithme. Pour surmonter cette limitation, nous avons amélioré notre algorithme discuté précédemment en utilisant l'algorithme de graine d'arbre (TSA).

Par hybridation du TSA avec notre algorithme de clustering. On combine les avantages des deux méthodes, évitant efficacement les minima locaux et produisant des résultats de clustering optimisés. Cette hybridation nécessite que certains paramètres de l'algorithme TSA devront être modifié pour une bonne adaptation à la nature des images médicales comme suit :

- Générez aléatoirement N pixels qui représentant les arbres initiaux.
- Initialisez le nombre d'itérations.
- Initialisez la tendance de recherche (ST) entre 0 et 1.
- Générez des graines initiales où le nombre de graines pour chaque arbre est compris entre 10 % et 25 % de la population initiale de l'arbre et chaque graine représente un pixel dans notre image.
- Mettez à jour l'intensité de ces graines à l'aide des équations 4.15 et 4.16
- Pour chaque arbre, calculez la valeur adaptative de ses graines définie par la distance entre cette graine et l'arbre le plus proche dans la population.
- Si la valeur adaptative d'une graine est supérieure à la valeur adaptative de l'arbre parent, nous supprimons le parent de la liste des arbres et le remplaçons par cette graine.
- Répétez ces étapes pour obtenir la condition terminale.

Nous résumons le nouvel algorithme amélioré dans l'organigramme ci-dessous :

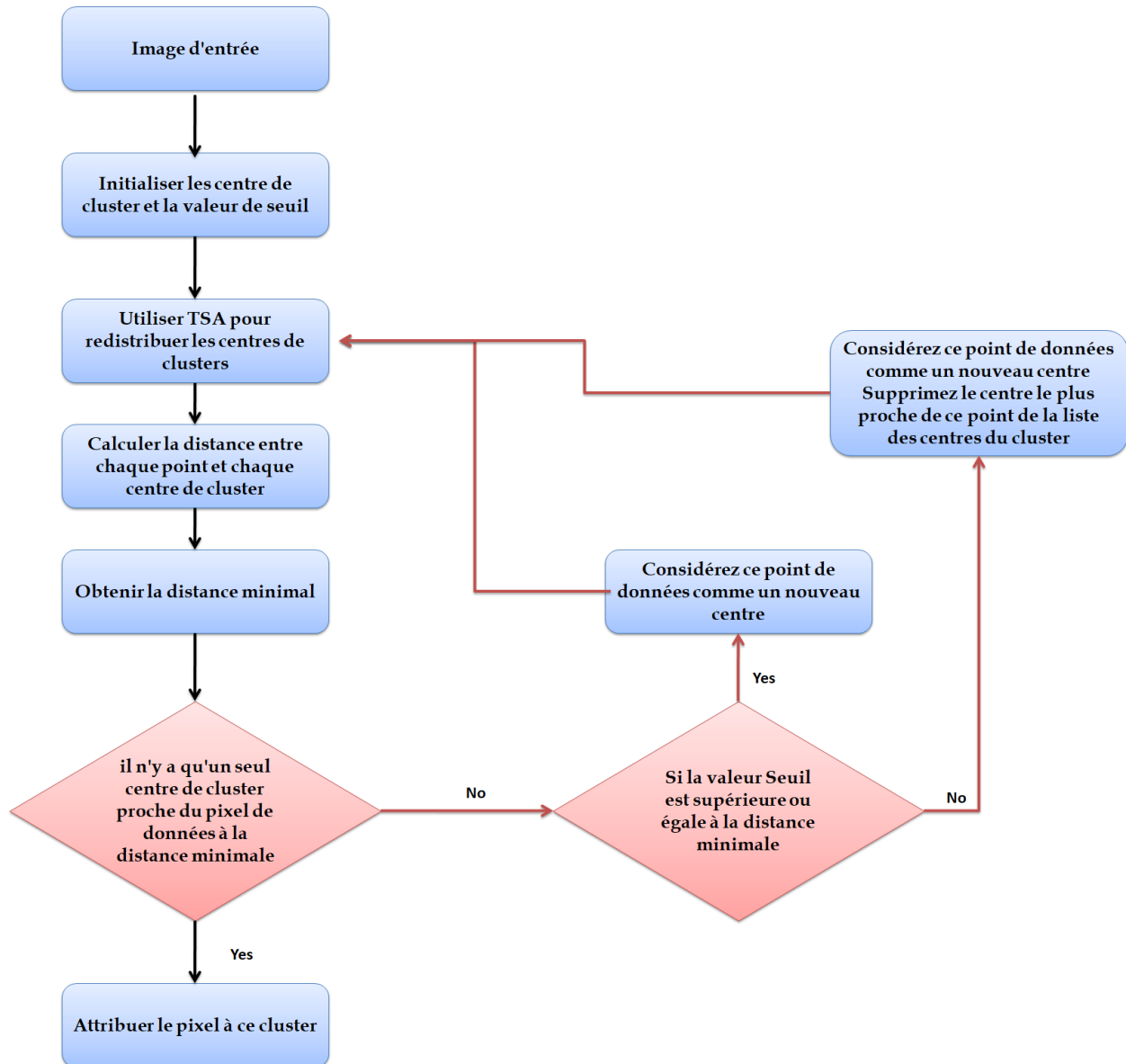


Figure 4.8 : Organigramme de l'algorithme amélioré avec TSA

5.3. Résultats et discussion

Nous avons exécuté cette expérience en utilisant quatre centres de cluster dans la phase d'initialisation Nous avons pris la valeur du seuil optimale obtenue dans notre expérience

précédente (seuil=50). Sur quatre différent nombre d'itération TSA. Les résultats sont présentés dans la Figure 4.9.

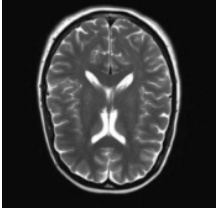
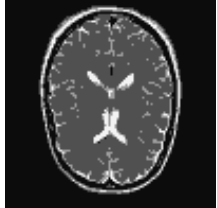
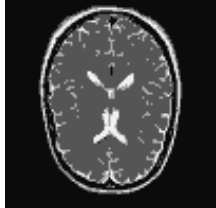
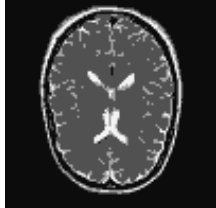
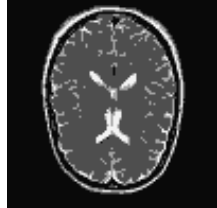
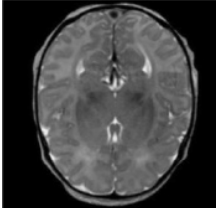
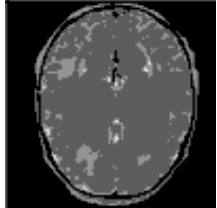
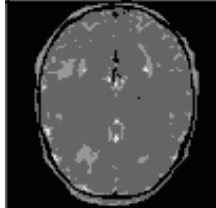
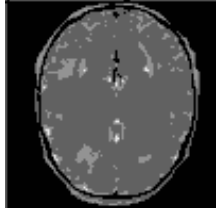
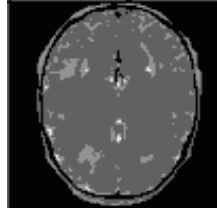
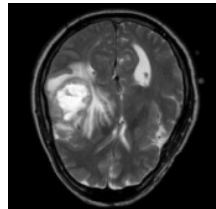
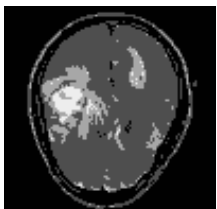
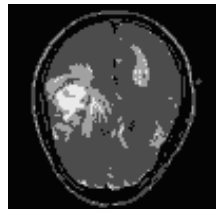
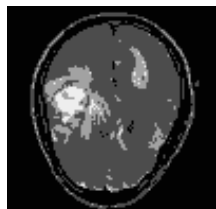
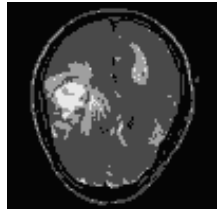





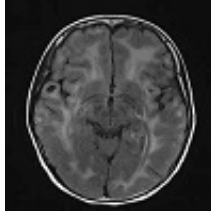
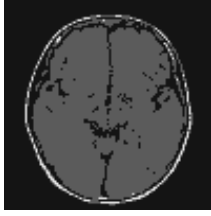
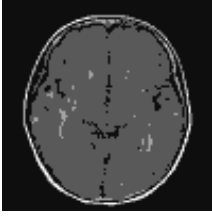
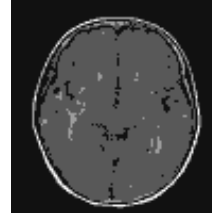
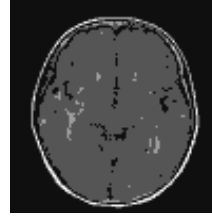
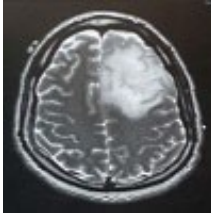
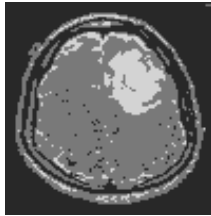
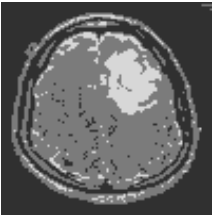
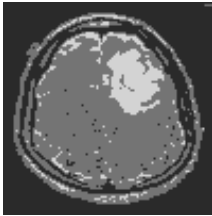
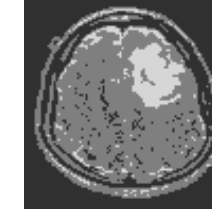



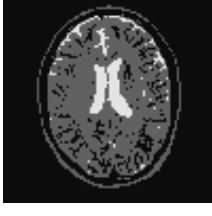

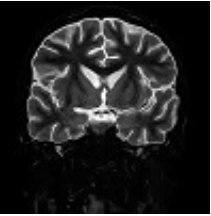
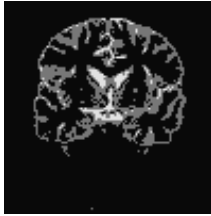
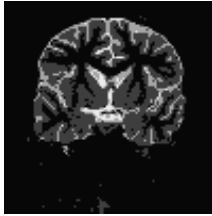
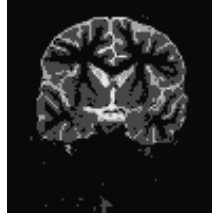
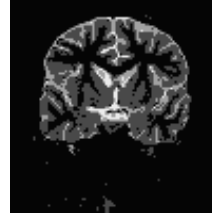
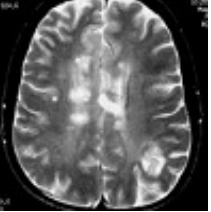
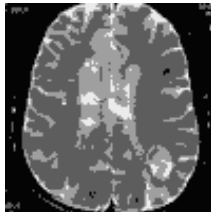
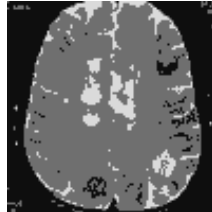
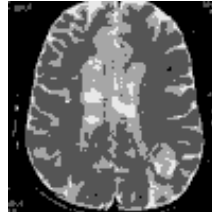
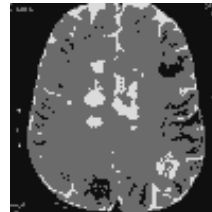
	Image originale	Nombre des itérations			
		15	25	35	45
Image 1					
Image 2					
Image 3					
Image 4					

Image 5					
Image 6					
Image 7					
Image 8					
Image 9					

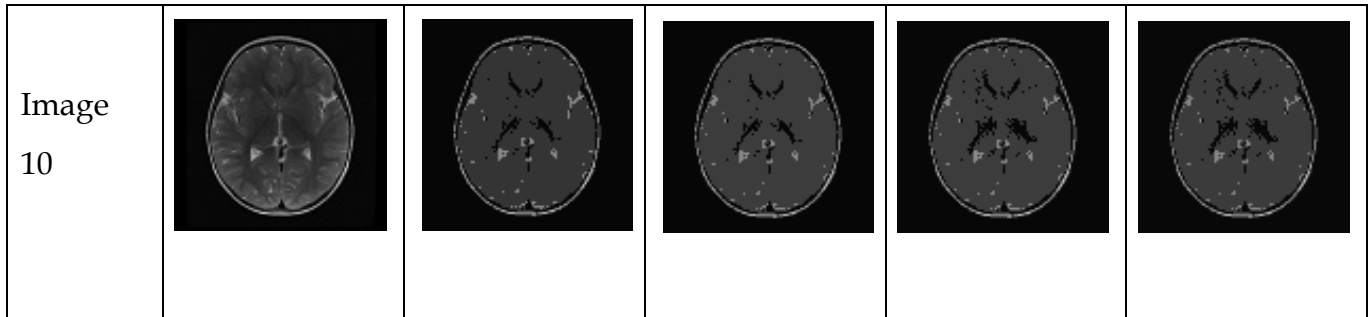


Figure 4.9. Segmentation qualitative des IRM cérébrale en utilisant notre algorithme optimisé avec TSA

L'efficacité de notre approche a été évaluée à l'aide des métriques DBI et SC, et les résultats sont présentés dans le tableau 4.4.

Image originale	Index	Nombre des itérations TSA			
		15	25	35	45
Image 1	DBI	0.37	0.37	0.37	0.37
	SC	0.82	0.81	0.81	0.81
Image 2	DBI	0.42	0.42	0.42	0.42
	SC	0.70	0.70	0.70	0.70
Image 3	DBI	0.41	0.41	0.41	0.41
	SC	0.76	0.76	0.76	0.76
Image 4	DBI	0.44	0.44	0.44	0.44
	SC	0.72	0.72	0.72	0.72
Image 5	DBI	0.29	0.41	0.41	0.41
	SC	0.77	0.76	0.76	0.76
Image 6	DBI	0.49	0.49	0.49	0.50
	SC	0.56	0.55	0.55	0.54
Image 7	DBI	0.40	0.39	0.38	0.39
	SC	0.78	0.78	0.70	0.78

Image 8	DBI	0.47	0.42	0.42	0.42
	SC	0.72	0.74	0.74	0.74
Image 9	DBI	0.40	0.40	0.41	0.41
	SC	0.60	0.60	0.58	0.58
Image 10	DBI	0.35	0.35	0.35	0.35
	SC	0.75	0.75	0.74	0.74
Image 11	DBI	0.37	0.35	0.43	0.40
	SC	0.70	0.67	0.71	0.70
Image 12	DBI	0.39	0.39	0.39	0.39
	SC	0.82	0.82	0.82	0.82
Image 13	DBI	0.49	0.50	0.50	0.49
	SC	0.69	0.68	0.68	0.68
Image 14	DBI	0.53	0.53	0.52	0.52
	SC	0.72	0.72	0.72	0.72
Image 15	DBI	0.43	0.42	0.42	0.42
	SC	0.67	0.68	0.68	0.68
Image 16	DBI	0.29	0.29	0.29	0.29
	SC	0.76	0.76	0.76	0.76
Image 17	DBI	0.40	0.41	0.38	0.41
	SC	0.73	0.73	0.68	0.73
Image 18	DBI	0.34	0.36	0.39	0.46
	SC	0.67	0.65	0.63	0.70
Image 19	DBI	0.41	0.41	0.38	0.41
	SC	0.64	0.64	0.65	0.64
Image 20	DBI	0.30	0.48	0.48	0.48

	SC	0.71	0.72	0.72	0.72
Image 21	DBI	0.45	0.46	0.46	0.46
	SC	0.59	0.59	0.59	0.59
Image 22	DBI	0.32	0.32	0.45	0.32
	SC	0.74	0.73	0.55	0.73
Image 23	DBI	0.50	0.50	0.50	0.49
	SC	0.65	0.65	0.64	0.66
Image 24	DBI	0.44	0.43	0.43	0.44
	SC	0.73	0.74	0.71	0.75
Image 25	DBI	0.49	0.51	0.49	0.51
	SC	0.71	0.69	0.68	0.70
Image 26	DBI	0.33	0.33	0.33	0.33
	SC	0.81	0.81	0.81	0.81
Image 27	DBI	0.43	0.43	0.23	0.42
	SC	0.72	0.67	0.75	0.68
Image 28	DBI	0.47	0.50	0.49	0.49
	SC	0.65	0.64	0.64	0.64
Image 29	DBI	0.37	0.38	0.40	0.38
	SC	0.70	0.75	0.66	0.75
Image 30	DBI	0.38	0.38	0.37	0.35
	SC	0.80	0.80	0.80	0.81
Résultat-moyen	DBI moyen	0.406	0.416	0.414	0.419
	SC moyen	0.713	0.710	0.698	0.713

Table 4.4. Résultats de performance sur l'IRM cérébrale pour l'algorithme hybride avec différentes itérations TSA.

Dans cette deuxième expérience on a testé l'algorithme amélioré par l'algorithme TSA. Les résultats obtenus ont indiqué qu'une exécution de 15 itérations de TSA a produit le meilleur résultat, avec un DBI moyen de 0,406 et un coefficient de silhouette de 0,713.

6. Synthèse des trois approches

Dans cette section, nous étudions la performance des trois méthodes en utilisant l'ensemble des images d'IRM.

La comparaison est effectuée sur la base des trois approches étudiées précédemment : l'algorithme FCM classique, l'algorithme proposé, Hybridation avec TSA et l'algorithme FCM-ABC. Les résultats de segmentation sont présentés dans la Figure 4.10.

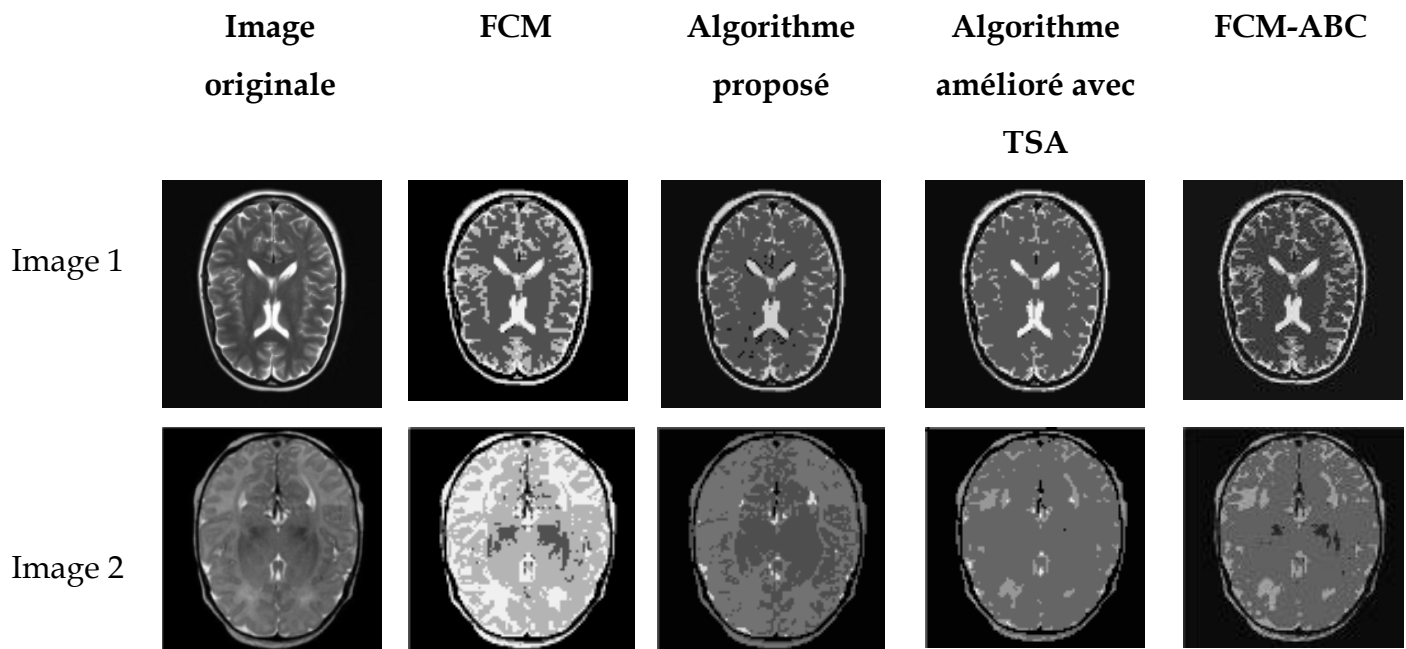


Image 3

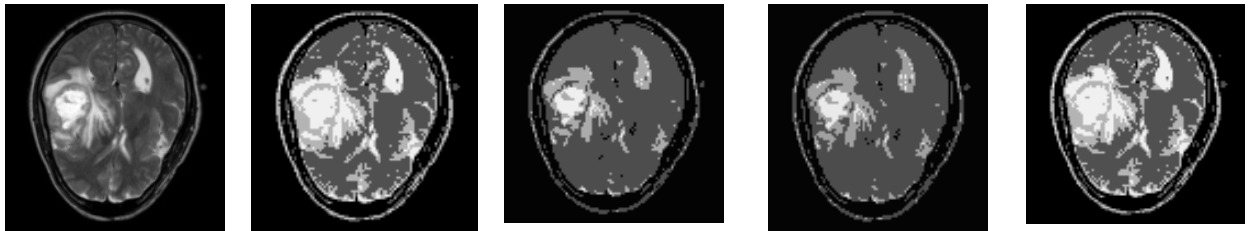


Image 4

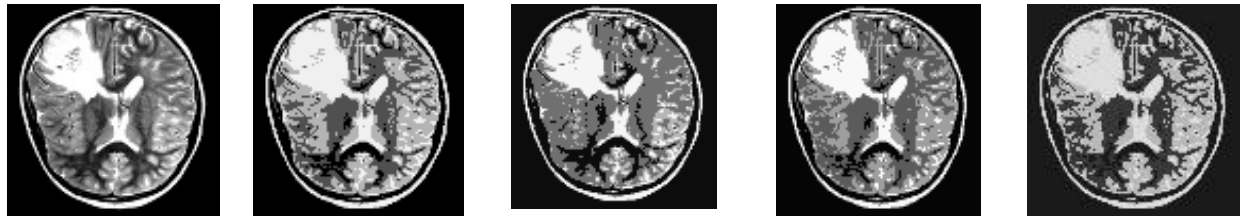


Image 5

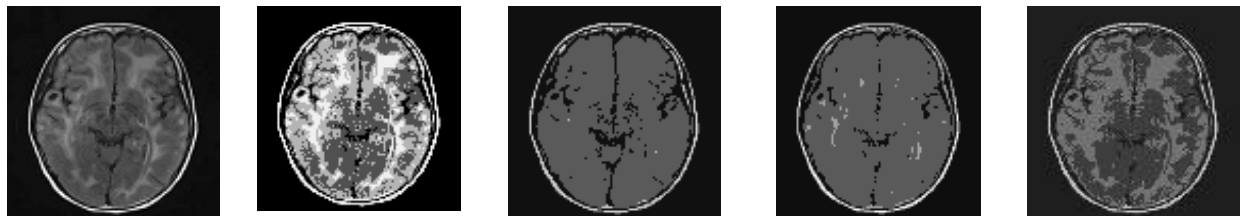


Image 6

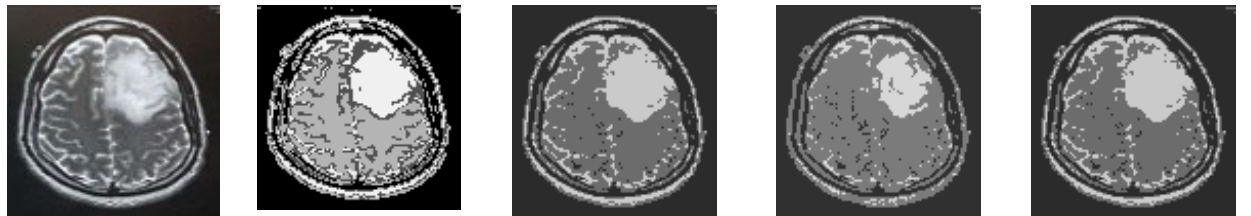


Image 7



Image 8



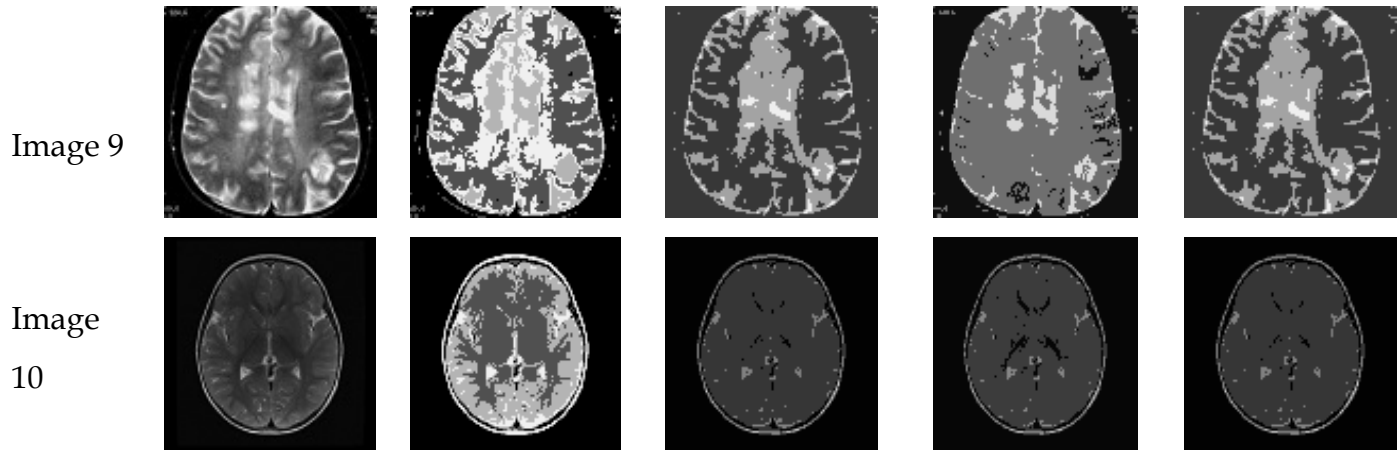


Figure 4.10. Comparaison qualitative entre quatre approches

En comparant les résultats obtenus dans nos trois techniques avec l'algorithme FCM, comme se présente dans la table 4.5 nous remarquons la supériorité de notre nouvel algorithme de segmentation sur le FCM dans la métrique du DBI, où il atteint une valeur de 0.44 par rapport à son homologue du FCM, qui atteint 0.484, tandis qu'il y avait une supériorité notable de l'algorithme FCM dans la métrique SCI, où il atteignait une valeur de 0.709, contre 0.673 dans notre algorithme proposé. Après avoir amélioré notre algorithme à l'aide de l'algorithme TSA, nous remarquons que ce dernier est supérieur au FCM dans tous les paramètres. Par contre l'algorithme FCM-ABC a obtenu les meilleurs résultats dans tous les paramètres par rapport au FCM et aux deux autres algorithmes proposés.

	Indice	FCM	Algorithme proposé	Algorithme amélioré par TSA	FCM-ABC
Résultat	DBI	0.484	0.440	0.418	0.31
moyen	SC	0.709	0.673	0.715	0.85

Table 4.5. Comparaison quantitative entre quatre approches

7. Conclusion

Le processus de diagnostic d'une tumeur cérébrale à la base des images IRM comprend quatre étapes essentielles : le prétraitement, l'extraction des caractéristiques, la segmentation, et la classification des tumeurs cérébrales. Le regroupement de ces techniques dans le processus du diagnostic offre des résultats avec une grande précision, des niveaux de bruit plus faibles et des temps de traitement plus rapides. Par rapport aux procédures manuelles. Dans ce chapitre, nous avons étudié et évalué trois approches de segmentation. La première consiste à fusionner l'algorithme FCM avec l'algorithme de la colonie d'abeilles artificielle. Dans la deuxième méthode on a développé un nouvel algorithme de segmentation qui a la capacité de segmenter les images et de déduire le nombre optimal des clusters dans lesquels les données doivent être segmentées. Troisièmement, nous avons amélioré cette dernière méthode en utilisant l'algorithme TSA pour améliorer les résultats et éviter le problème des minima locaux.

Conclusion Générale

Conclusion Générale

Gâce aux progrès considérables des technologies de l'information et de l'intelligence artificielle, le domaine de la radiologie a connu une transformation sans précédent ces dernières années. Les images médicales jouent désormais un rôle crucial dans le diagnostic et le traitement de nombreuses maladies, notamment le cancer du cerveau, qui considère comme l'un des types de cancer les plus dangereux. Dans cette thèse, nous avons identifié le cancer du cerveau et les méthodes de diagnostic à l'aide des images médicales, puis nous nous sommes concentrés sur l'amélioration des algorithmes de segmentation des images médicales à l'aide des techniques inspirées de la nature, dans le but d'améliorer la précision et l'efficacité du diagnostic clinique et d'éliminer le problème des minima locaux. Une méthodologie complète est présentée qui comprend une analyse complète des méthodes de diagnostic du cancer du cerveau, une discussion des méthodes de segmentation des images médicales à l'aide des algorithmes traditionnels, puis le développement et l'amélioration de ces algorithmes à l'aide des concepts du monde naturel. Les résultats expérimentaux ont montré une amélioration significative de la qualité de la segmentation et de la précision du diagnostic grâce aux algorithmes améliorés, en évitant les problèmes de minima locaux et en augmentant la capacité à extraire des détails fins à partir d'images médicales. De toute évidence, il existe de nombreuses opportunités de recherche et d'innovation futures dans ce domaine, notamment l'exploration des techniques davantage inspirées de la nature et leur application à l'amélioration des processus de segmentation des images médicales.

En complétant cette recherche, nous pouvons avancer dans plusieurs directions pour élargir la compréhension et améliorer les performances en matière de segmentation des images médicales à l'aide des techniques inspirées de la nature.

Premièrement, d'autres applications des algorithmes de segmentation améliorés pourraient être explorées dans d'autres domaines médicaux, comme le diagnostic des

tumeurs cancéreuses dans d'autres parties du corps ou l'évaluation des blessures et de chirurgies orthopédiques. En testant les performances de ces algorithmes sur une variété d'images médicales, nous pouvons déterminer leur capacité à s'adapter à différents contextes et nouveaux défis.

Deuxièmement, d'autres moyens peuvent être explorés pour améliorer les performances des algorithmes de segmentation en diversifiant les concepts tirés de la nature, tels que l'application des principes de l'évolution biologique au développement d'algorithmes adaptatifs qui répondent aux changements des images médicales au fil du temps ou gèrent efficacement des images de différentes résolutions.

Enfin, les efforts peuvent être orientés vers l'application de ces techniques dans le travail clinique quotidien, en développant des outils et des logiciels de segmentation d'images médicales à la disposition des médecins et des professionnels de la santé. Ainsi, ces efforts peuvent contribuer à améliorer les soins de santé et faciliter grandement la prise de décision clinique.

La segmentation des tumeurs cérébrales en images IRM est un domaine de recherche actif avec des tendances prometteuses telles que l'utilisation de l'apprentissage profond, l'intégration de données multimodales, la prédiction de la survie des patients, la normalisation et le prétraitement des données, et l'utilisation de la réalité virtuelle et augmentée. Cependant, il existe encore des défis à relever, tels que la variabilité des données et la nécessité de grandes bases de données annotées pour entraîner les modèles d'apprentissage profond.

Les perspectives sur les tendances et les défis actuels dans ce domaine peuvent se résumer en :

- L'utilisation de l'apprentissage profond : Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) et d'autres techniques d'apprentissage profond ont montré des résultats prometteurs pour la segmentation des tumeurs cérébrales en images IRM. Les modèles d'apprentissage profond peuvent être entraînés sur de grandes bases de

données d'images IRM annotées pour apprendre à segmenter automatiquement les tumeurs cérébrales avec une grande précision.

- L'intégration de données multimodales : Les images IRM peuvent fournir des informations complémentaires sur la tumeur cérébrale, telles que la forme, la taille, la localisation et les caractéristiques de contraste. L'intégration de données multimodales, telles que l'IRM de diffusion, l'IRM fonctionnelle et la spectroscopie par résonance magnétique, peut améliorer la précision de la segmentation des tumeurs cérébrales.
- La prédiction de la survie des patients : La segmentation précise des tumeurs cérébrales peut aider à prédire la survie des patients atteints de tumeurs cérébrales. Les caractéristiques radiomiques extraites des régions segmentées de la tumeur peuvent être utilisées pour entraîner des modèles de prédiction de survie à l'aide de techniques d'apprentissage automatique.
- Les défis liés à la variabilité des données : La variabilité des données d'images IRM, telles que la qualité de l'image, la résolution et les artefacts, peut affecter la précision de la segmentation des tumeurs cérébrales. Les approches de normalisation et de prétraitement des données peuvent aider à réduire la variabilité des données et à améliorer la précision de la segmentation.
- L'utilisation de la réalité virtuelle et augmentée : La réalité virtuelle et augmentée peut être utilisée pour visualiser les images IRM et les régions segmentées de la tumeur cérébrale en 3D. Cela peut aider les médecins à mieux comprendre la localisation et la taille de la tumeur, et à planifier la chirurgie et le traitement.

Références

Références

- Abd-Allah et al, (2018)** : Abd-Allah, M.K., Awad, A.I., Khalaf, A.A.M. and Hamed, H.F.A. (2018). Two-phase multi-model automatic brain tumour diagnosis system from magnetic resonance images using convolutional neural networks. *EURASIP Journal on Image and Video Processing*, 2018(1).
- Abdel-Maksoud et al. (2015)**: Abdel-Maksoud, E., Elmogy, M. and Al-Awadi, R. (2015). Brain tumor segmentation based on a hybrid clustering technique. *Egyptian Informatics Journal*, 16(1), pp.71-81.
- Abdel Elsamie, et al, (2019)** : Abdel El-Samie, A. S. A., Abdel-Nabi, M. A., and Tolba, M. F. (2019). Brain Tumor Segmentation Utilizing Thresholding and K-Means Clustering. *Journal of Engineering Research*, 23(1), 1-10.
- Ahamed et al, (2023)** : Ahamed, F., Hossain, M., Rabiul Islam, N., Mominul Ahsan, R.I, and Haider, J. (2023). A review on brain tumor segmentation based on deep learning methods with federated learning techniques. *Computerized medical imaging and graphics : the official journal of the Computerized Medical Imaging Society*, 110, 102313 .
- Alzubi et al, (2021)** : Alzubi, A. M., Al-Khalifa, H. S., & Mohammed, W. G. (2021). A Review on Feature Extraction Techniques for Medical Image Analysis. *Journal of Medical Systems*, 45(1), 1-22.
- Amelio et Pizzuti, (2018)**: Amelio, D., & Pizzuti, C. (2018). A survey of clustering evaluation metrics. *ACM Computing Surveys*, 51(3), 1-35.
- Amyot, et al, (2015)**: Amyot, F., Arciniegas, D.B., Brazaitis, M.P., Curley, K.C., Diaz-Arastia, R., Gandjbakhche, A., Herscovitch, P., Hinds, S.R., Manley, G.T., Pacifico, A., Razumovsky, A., Riley, J., Salzer, W., Shih, R., Smirniotopoulos, J.G. and Stocker, D. (2015). A Review of the Effectiveness of Neuroimaging Modalities for the Detection of Traumatic Brain Injury. *Journal of Neurotrauma*, 32(22), pp.1693-1721.
- Arce-Santana et al, (2018)**: Arce-Santana, E.R., Mejia-Rodriguez, A.R., Martinez-Peña, E., Alba, A., Mendez, M., Scalco, E., Mastropietro, A. and Rizzo, G. (2018). A new

Probabilistic Active Contour region-based method for multiclass medical image segmentation. *PubMed*, 57(3), pp.565–576.

Arora et al, (2020): Arora, S., Sharma, A., and Panigrahi, B. K. (2020). A Comprehensive Survey of Clustering Validity Indices. *IEEE Access*, 8, 111027-111051.

Atashpaz-Gargari et Lucas, (2007): Atashpaz-Gargari, E. and Lucas, C. (2007). Imperialist competitive algorithm: An algorithm for optimization inspired by imperialistic competition. *Information Sciences*, 177(13), 3049-3064.

Ahmadi-Javid. (2011) :Ahmadi-Javid, A. (2011). Anarchic Society Optimization: A human-inspired method.

Beregi, (2020) : Beregi, J. P. (2020). Imagerie médicale : principes physiques, technologiques et applications cliniques. De Boeck Supérieur.

Bertram, (2000) : Bertram, J.S. (2000). The molecular biology of cancer. *Molecular Aspects of Medicine*, 21(6), pp.167–223.

Brillet, (2019) : Brillet, J. L. (2019). Imagerie médicale : principes et pratique, Elsevier Masson.

Burke et al, (2013): Burke, E. K., Hyde, M., Kendall, G., Ochoa, G., Özcan, E., and Qu, R. (2013). Hyper-heuristics: a survey of the state of the art. *Journal of the Operational Research Society*, 64(12), 1695-1724.

Bezdek et al, (1984): Bezdek, J.C., Ehrlich, R. and Full, W. (1984). FCM: The fuzzy c-means clustering algorithm. *Computers and Geosciences*, 10(2-3), pp.191–203.

Canny, (1986): Canny, J. (1986). A Computational Approach to Edge Detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, PAMI-8(6), pp.679–698.

Capelle-Laizé, (2003) : Capelle-Laizé A. S.(2003). Segmentation des Images IRM Multi-échos Tridimensionnelles pour la Détection des Tumeurs Cérébrales par la Théorie de L'évidence. Thèse de Doctorat, l'université de Poitiers.

Chinot, (2017) : Chinot, O. (2017). Tumeurs cérébrales : diagnostic et traitement, Elsevier Masson.

Cocquerez et Philipp, (1995) : Cocquerez J.-P. and Philipp.s (1995). Analyse d'Images : filtrage et segmentation, Masson.

- Davies et Bouldin, (1979)** : Davies, D. L., and Bouldin, D. W. (1979). A cluster separation measure. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1(2), 224-227.
- Dong et al, (2004)** : Dong, Q., Welsh, R.C., Chenevert, T.L., Carlos, R.C., Maly-Sundgren, P.C., Gomez-Hassan, D. and Mukherji, S.K. (2004). Clinical applications of diffusion tensor imaging. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 19(1), pp.6-18.
- Dorigo et al, (1996)** : Dorigo, M., Maniezzo, V., and Coloni, A. (1996). Ant system: optimization by a colony of cooperating agents. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics--Part B: Cybernetics*, 26(1), 29-41.
- Duvernoy, (2018)** : Duvernoy, S. (2018). *Le cerveau à nu : structure, fonctions, explorations*, De Boeck Supérieur.
- Evan et Vousden, (2001)** : Evan, G.I. and Vousden, K.H. (2001). Proliferation, cell cycle and apoptosis in cancer. *Nature*, 411(6835), pp.342-348.
- El-Dahshan et al, (2010)**: El-Dahshan, E.-S.A., Hosny, T. and Salem, A.-B.M. (2010). Hybrid intelligent techniques for MRI brain images classification. *Digital Signal Processing*, 20(2), pp.433-441.
- Elseberg et al, (2020)**: Elseberg, D., Werman, M., and Chikofsky, E. (2020). *Computer Vision: Models, Learning, and Inference* (2nd ed.). Cambridge University Press.
- Erol et Eksin, (2013)** : Erol, E., and Eksin, I. (2013). Societal anarchy optimization: A new metaheuristic optimization algorithm. *Applied Soft Computing*, 13(5), 2877-2888.
- Fazel Zarandi. et al, (2011)** : Fazel Zarandi, M.H., Zarinbal, M. and Izadi, M. (2011). Systematic image processing for diagnosing brain tumors: A Type-II fuzzy expert system approach. *Applied Soft Computing*, 11(1), pp.285-294.
- Farmer et al, (1986)** : Farmer, J. D., Packard, N. H., and Perelson, A. S. (1986). The immune system, adaptation, and machine learning. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, 22(1-3), 187-204.
- Georgiadis et al, (2008)**: Georgiadis, P., Dionisis Cavouras, Ioannis Kalatzis, Daskalakis, A., Kagadis, G.C., Koralia Sifaki, Menelaos Malamas, Nikiforidis, G. and Ekaterini Solomou (2008). Improving brain tumor characterization on MRI by probabilistic neural

networks and non-linear transformation of textural features. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 89(1), pp.24–32.

Glover, (1989) : Glover, F. (1989). Tabu Search—Part I. *ORSA Journal on Computing*, 1(3), pp.190–206.

Glover et Kochenberger, (2003) : Glover, F., and Kochenberger, G. (2003). Handbook of metaheuristics. Kluwer Academic Publishers.

Greenberget al ,(1985) : Greenberg, M.T., Greene, L.A. and Ziff, E.B. (1985). Nerve growth factor and epidermal growth factor induce rapid transient changes in proto-oncogene transcription in PC12 cells. *Journal of Biological Chemistry*, 260(26), pp.14101–14110.

Grenier, (2021) : Grenier, P. (2021). Imagerie médicale : bases physiques, technologiques et applications. Dunod.

Griffithset al,(2015): Griffiths, A.J.F., Wessler, S.R., Carroll, S.B. and Doebley, J.F. (2015). *Introduction to genetic analysis*. 11th ed. New York, Ny: W.H. Freeman and Company.

Kalbkhani et al,(2013) : Kalbkhani,H., Shayesteh, M.G. and Behrooz Zali-Vargahan (2013). Robust algorithm for brain magnetic resonance image (MRI) classification based on GARCH variances series. *Biomedical Signal Processing and Control*, 8(6), pp.909–919.

Huanget al, (2014) : Huang, M., Yang, W., Wu, Y., Jiang, J., Chen, W. and Feng, Q. (2014). Brain tumor segmentation based on local independent projection-based classification. *IEEE transactions on bio-medical engineering*, 61(10), pp.2633–2645.

Hamed et al,(2017) : Hamed, S.A.I. (2017).Grading of Brain Tumors Using MR Spectroscopy: Diagnostic value at Short and Long. *IOSR J. Dent. Med. Sci.*, 16, 87–93.

Haywardet al ,(2008) : Hayward, R.M., Patronas, N., Baker, E.H., Vézina, G., Albert, P.S. and Warren, K.E. (2008). Inter-observer variability in the measurement of diffuse intrinsic pontine gliomas. *Europe PMC (PubMed Central)*, 90(1), pp.57–61.

Hegiet al,(2006) : Hegi, M.E., Murat, A., Lambiv, W.L. and Stupp, R. (2006). Brain tumors: molecular biology and targeted therapies. *Annals of Oncology*, 17, pp.x191–x197.

Holland, (1975) : Holland, J. H. (1975). Adaptation in natural and artificial systems. University of Michigan press.

- Hu et Jensen, (2016)** : Hu, N. R. and Jensen, R. (2016). Role of chromosomal 1p/19q co-deletion on the prognosis of oligodendrogliomas: A systematic review and meta-analysis. *InterdisciplinaryNeurosurgery*, 5, pp.58–63.
- Jiang, (2013)** : Jiang, J., Wu, Y., Huang, M., Yang, W., Chen, W. and Feng, Q. (2013). 3D brain tumor segmentation in multimodal MR images based on learning population- and patient-specific feature sets. 37(7-8), pp.512–521.
- Johnson, (2017)** : Derek, R., Guerin, J., Giannini, C., Morris, J., Eckel, L. and Kaufmann, T.(2017)Updates to the WHO brain tumor classification system: what the radiologist needs to know. *Radiographics* 37, No. 7, 2164-2180.
- Kande et al, (2019)** : Kande, S. S., Patil, P. P., and Ghate, S. S. (2019). Brain tumor detection in MR image using superpixels, principal component analysis and template based K-means clustering algorithm. 2019 International Conference on Intelligent Sustainable Systems (ICISS), Kanyakumari, India, 2019, 1-5.
- Karaboga et Basturk, (2007)** : Karaboga, D. and Basturk, B. (2007). A powerful and efficient algorithm for numerical function optimization: artificial bee colony (ABC) algorithm. *Journal of Global Optimization*, 39(3), pp.459–471.
- Karim, (2020)** : Karim, S. M. A., Hakim, M. A., Salam, M. A. and Rahim, M. A. (2020). A Survey on Image Thresholding Techniques, *Journal of Engineering Research and Applications*, vol. 10, no. 4, pp. 1-12.
- Kennedy, (1995)** : Kennedy, J, and Eberhart, R. (1995). Particle swarm optimization. In Proceedings of IEEE International Conference on Neural Networks (Vol. 4, pp. 1942-1948).
- Khotanlou, (2008)** : Khotanlou H. (2008). Segmentation 3D de Tumeurs et de Structures Internes du Cerveau en IRM. Thèse de Doctorat, l'École Nationale Supérieure de Télécommunications.
- Kiran, (2015)** : Kiran, M.S. (2015). TSA: Tree-seed algorithm for continuous optimization. *Expert Systems with Applications*, 42(19), pp.6686–6698.
- Kumaret al. (2018)** : Kumar, P.M., Devi G, U., Manogaran, G., Sundarasekar, R, Chilamkurti, N. and Varatharajan, R. (2018). Ant colony optimization algorithm with Internet of Vehicles for intelligent traffic control system. *Computer Networks*, 144, pp.154–162.

- Kumar et al. (2018)** : Kumar, S.N., A. Lenin Fred, H. Ajay Kumar and P. Sebastin Varghese (2018). Firefly Optimization Based Impro-ved Fuzzy Clustering for CT/MR Image Segmentation. Intelligent systems reference library, pp.1–28.
- Lakhal, (2020)** : Lakhal, A. (2020) Systèmes de diagnostic médical assistés par ordinateur, Techniques de l'Ingénieur, réf. J5200.
- Lee et al, (2018)** : Lee, E., Yong, R.L., Paddison, P. and Zhu, J. (2018). Comparison of glioblastoma (GBM) molecular classification methods. *Seminars in Cancer Biology*, 53, pp.201–211.
- Ma et al, (2023)** : Ma, Z., Wu, G., Suganthan, P.N., Song, A. and Luo, Q. (2023). Performance assessment and exhaustive listing of 500+ nature-inspired metaheuristic algorithms. *Swarm Evol. Comput*, 77, 101248.
- Mabrayet al, (2015)** : Mabray, M.C., Barajas, R.F. and Cha, S. (2015). Modern Brain Tumor Imaging. *Brain Tumor Research and Treatment*, 3(1), p.8.
- Martínez-Herrera et al, (2019)** : Martínez-Herrera, A.F., Céspedes-Mota, A. and Servando Lopez-Aguayo (2019). Divide and conquer algorithm for nondiffracting beams. *Journal of the Optical Society of America*, 36(12), pp.1968–1968.
- Mahaley et al, (1989)** : Mahaley, M.S., Mettlin, C., Natarajan, N., Laws, E.R. and Peace, B.B. (1989). National survey of patterns of care for brain-tumor patients. *Journal of Neurosurgery*, 71(6), pp.826–836.
- Mazereau, (2018)** : Mazereau, P. (2018). Anatomie du système nerveux central, Elsevier Masson.
- McCulloch et Pitts, (1943)** : McCulloch, W. S., and Pitts, W. (1943). A logical calculus of ideas immanent in nervous activity. *The Bulletin of Mathematical Biophysics*, 5(4), 115–133.
- Meder, (2015)** : Meder, J. F. (2015). Tumeurs cérébrales : imagerie et traitement, Doin.
- Menze, (2010)** : Menze, BH, (2010). A generative model for brain tumor segmentation in multi-modal images. In: Jiang T, Navab N, Pluim JPW, Viergever MA, editors. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2010: 13th

International Conference, Beijing, China, September 20-24, 2010, Proceedings, Part II Springer Berlin Heidelberg; p. 151-9.

Morris et al, (2009) : Morris, Z. Whiteley, W.N., Longstreth, W.T., Weber, F., Lee, Y.-C., Tsushima, Y., Alphas, H., Ladd, S.C., Warlow, C., Wardlaw, J.M. and Al-Shahi Salman, R. (2009). Incidental findings on brain magnetic resonance imaging: systematic review and meta-analysis. *BMJ*, 339(aug17 1), pp.b3016-b3016.

Mousavirad et Ebrahimpour-Komleh, (2017) : Mousavirad, S.J. and Ebrahimpour-Komleh, H. (2017). Human mental search: a new population-based metaheuristic optimization algorithm. *Applied Intelligence*, 47(3), pp.850-887.

Moscato, (1989) : Moscato, P. (1989). On evolution, search, optimization, genetic algorithms and martial arts: Towards memetic algorithms. Caltech Concurrent Computation Program, Technical Report, C3-TR-93-524.

MirjalilietLewis, (2014) : Mirjalili, S.M., and Lewis, A. (2014). Grey Wolf Optimizer. *Adv. Eng. Softw.*, 69, 46-61.

Mirjalili, et al ,(2014) Mirjalili, S., Mirjalili, S. M., and Lewis, A. (2014). Grey wolfoptimizer. *Advances in Engineering Software*, 69, 46-61.

Moon, (2002) :Moon N. (2002). Automatic brain and tumor segmentation. In: Dohi T, Kikinis R, editors. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2002: 5th International Conference Tokyo, Japan, September 25-28, 2002 Proceedings, Part I* Springer Berlin Heidelberg; p.372-9.

Mohsen, et al, (2018) Mohsen, H., El-Dahshan, E.-S.A., El-Horbaty, E.-S.M. and Salem, A.-B.M. (2018). Classification using deep learning neural networks for brain tumors. *Future Computing and Informatics Journal*, 3(1), pp.68-71.

Menze, (2010) : Menze, B.H., Koen Van Leemput, Lashkari, D., Weber, M.-A., Ayache, N. and Golland, P. (2010). A Generative Model for Brain Tumor Segmentation in Multi-Modal Images. pp.151-159.

Nabizadeh, et al, (2015) : Nabizadeh, N. and Kubat, M. (2015). Brain tumors detection and segmentation in MR images: Gabor wavelet vs. statistical features. *Computers and Electrical Engineering*, 45, pp.286-301.

- Nigel et Gürsel, (2018)** : Nigel, M., and Gürsel, R. (2018). A taxonomy of bio-inspired optimization algorithms. *Journal of Intelligent and Fuzzy Systems*, 34(2), 1079-1086.
- Nelson, (2003)** : Nelson, S.J. (2003). Multivoxel magnetic resonance spectroscopy of brain tumors. *PubMed*, 2(5), pp.497-507.
- NobusadaShinoura, et al, (1996)** NobusadaShinoura, Chen, L., Wani, M.A., Young Gyu Kim, Larson, J.H., Warnick, R.E., Simon, M., Menon, A.G., Wan Li Bi and Stambrook, P.J. (1996). Protein and messenger RNA expression of connexin43 in astrocytomas: implications in brain tumor gene therapy. *Journal of Neurosurgery*, 84(5), pp.839-845.
- Olliverre, (2018)** : Olliverre, N.J., Yang, G., Slabaugh, G., Reyes-Aldasoro, C.C. and Alonso, E. (2018). *Generating Magnetic Resonance Spectroscopy Imaging Data of Brain Tumours from Linear, Non-Linear and Deep Learning Models*.
- Prastawa, (2004)** : PRASTAWA, M. (2004). A brain tumor segmentation framework based on outlier detection*1. *Medical Image Analysis*, 8(3), pp.275-283.
- Rak, et al, (1995)** : Rak, J., Filmus, J., Finkenzeller, G., Grugel, S., Marm, D. and Kerbel, R.S. (1995). Oncogenes as inducers of tumor angiogenesis. *Cancer and Metastasis Reviews*, 14(4), pp.263-277.
- Rousseeuw, (1987)** Rousseeuw, P. J. (1987). Silhouettes: a graphical aid to the interpretation and validation of cluster analysis. *Computational and Applied Mathematics*, 20, 53-65.
- Ranjith, (2015)** : Ranjith, G., Parvathy, R., Vikas, V., Chandrasekharan, K. and Nair, S. (2015). Machine learning methods for the classification of gliomas: Initial results using features extracted from MR spectroscopy. *The Neuroradiology Journal*, 28(2), pp.106-111.
- Salhi et Fraga, (2011)** : Salhi, A. and Fraga, E.S. (2011). Nature-Inspired Optimisation Approaches and the New Plant Propagation Algorithm.
- Saritha, (2013)** : Saritha, M., Paul Joseph, K. and Mathew, A.T. (2013). Classification of MRI brain images using combined wavelet entropy-based spider web plots and probabilistic neural network. *Pattern Recognition Letters*, 34(16), pp.2151-2156.

- Sheela et al, (2021)** : Sheela, C.J.J. and Suganthi, G. (2021). Accurate MRI brain tumor segmentation based on rotating triangular section with fuzzy C- means optimization. *Sādhanā*, 46(4).
- Smith-Bindman et al, (2010)** : Smith-Bindman, R., Lipson, J. and Marcus, R. (2010). Radiation Dose Associated with Common Computed Tomography Examinations and the Associated Lifetime Attributable Risk of Cancer. *Journal of Vascular Surgery*, 51(3), p.783.
- Song, et al, (2012)** : Song, M.S., Salmena, L. and Pandolfi, P.P. (2012). The functions and regulation of the PTEN tumour suppressor. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 13(5), pp.283–296.
- Storn et Price, (1997)** : Storn, R., and Price, K. (1997). Differential evolution – a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces. *Journal of global optimization*, 11(4), 341-359.
- Russell et Norvig, (2010)** : Russell, S. et Norvig, P.(2010). Intelligence artificielle : une approche moderne, 3e édition. Pearson Education France.
- Scully et al, (1987)** : Scully, M.O., Lamb, W.E. and Barut, A. (1987). On the theory of the Stern-Gerlach apparatus. *Foundations of Physics*, 17(6), pp.575–583.
- Scherrer, (2008)** : Scherrer B.(2008). Segmentation des Tissus et Structures sur les IRM Cérébrales: Agents Markoviens Locaux Coopératifs et Formulation Bayésienne. Thèse de Doctorat, L'Institut Polytechnique de Grenoble.
- Shi et al, (2002)** : Shi, Y., Hornegger, J., Wells, W. M., and Kikinis, R. (2002). Automatic segmentation of subcortical structures in brain MRI using a fuzzy c-means based method. *Medical Image Analysis*, 6(4), 287-304.
- Sneed et al, (2002)** : Sneed, P.K., Suh, J.H., Goetsch, S.J., Sanghavi, S.N., Chappell, R., Buatti, J.M., Regine, W.F., Weltman, E., King, V., Breneman, J.C., Sperduto, P.W. and Mehta, M.P. (2002). A multi-institutional review of radiosurgery alone vs. radiosurgery with whole brain radiotherapy as the initial management of brain metastases. 53(3), pp.519–526.

- Swarnalakshmi, (2014)** : Swarnalakshmi, R, R. (2014). A Survey on Edge Detection Techniques using Different Types of Digital Images. *International Journal of Computer Science and Mobile Computing*, 3(7), pp.694–699.
- Talbi, (2009)** : Talbi, E. G. (2009). Metaheuristics: from design to implementation. John Wiley and Sons.
- Thaha et al. (2019)** : Thaha, M.M., Kumar, K.P.M., Murugan, B.S., Dhanasekeran, S., Vijayakarthish, P. and Selvi, A.S. (2019). Brain Tumor Segmentation Using Convolutional Neural Networks in MRI Images. *Journal of Medical Systems*, 43(9).
- Tustison, (2014)** : Tustison, N.J., Shrinidhi, K.L., Wintermark, M., Durst, C.R., Kandel, B.M., Gee, J.C., Grossman, M.C. and Avants, B.B. (2014). Optimal Symmetric Multimodal Templates and Concatenated Random Forests for Supervised Brain Tumor Segmentation (Simplified) with ANTsR. *Neuroinformatics*, 13(2), pp.209–225.
- Thomas et al, (2010)** : Thomas H. Cormen, Charles E. Leiserson, Ronald L. Rivest, et Clifford Stein (2010). Introduction à l'algorithmique, troisième édition. Dunod.
- Varlet, (2019)** : Varlet, P. (2019). Tumeurs cérébrales : de la biologie à la clinique, Elsevier Masson.
- Wang et al ,(2021)** : Wang, L., Zhang, J., and Li, X. (2021). Study on the improved fuzzy clustering algorithm and its application in brain image segmentation. *Journal of Intelligent & Fuzzy Systems*, 41(1), 1013-1022.
- Wiest-Daesslé, (2009)** : Wiest-Daesslé N. (2009). Imagerie du Tenseur de Diffusion pour l'étude de Pathologies Cérébrales. Thèse de Doctorat, l'université de Rennes 1 Mention Informatique.
- Willmann, (1989)** : Willmann L (1989). Étude de l'évolution des tumeurs cérébrales en IRM. Cahiers d'IRM, Masson.
- Yang,(2009)** : Yang, X.-S. (2009). Firefly Algorithms for Multimodal Optimization. *Stochastic Algorithms: Foundations and Applications*, pp.169–178.
- Yang, (2010)** : Yang, X.-S. (2010). A New Metaheuristic Bat-Inspired Algorithm. *Nature Inspired Cooperative Strategies for Optimization (NICSO 2010)*, pp.65–74.

Yang, (2012) :Yang, X.-S. (2012). Flower Pollination Algorithm for Global Optimization. *International Journal of Bio-Inspired Computation*, 4(2), 77-84.

Yang et al, (2015) : Yang, G., Zhang, Y., Yang, J., Ji, G., Dong, Z., Wang, S., Feng, C. and Wang, Q. (2015). Automated classification of brain images using wavelet-energy and biogeography-based optimization. *Multimedia Tools and Applications*, 75(23), pp.15601-15617.

Yarden et al, (1987) : Yarden, Y., Kuang, W.J., Yang-Feng, T., Coussens, L., Munemitsu, S., Dull, T.J., Chen, E., Schlessinger, J., Francke, U. and Ullrich, A. (1987). Human proto-oncogene c-kit: a new cell surface receptor tyrosine kinase for an unidentified ligand. *The EMBO Journal*, 6(11), pp.3341-3351.

Yuehao et al, (2015) : Yuehao Pan, Weimin Huang, Zhiping Lin, Wanzheng Zhu, Jiayin Zhou, Wong, J. and Zhongxiang Ding, (2015). Brain tumor grading based on Neural Networks and Convolutional Neural Networks. *Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society. IEEE Engineering in Medicine and Biology Society. Annual International Conference*, 2015, pp.699-702.

Zhang, (1999) : Zhang, M. (1999). Human mental search algorithm and its application. *Journal of System Simulation*, 11(4), 85-89.

Zhang, (2011) : Zhang, Y., Dong, Z., Wu, L. and Wang, S. (2011). A hybrid method for MRI brain image classification. *Expert Systems with Applications*, 38(8), pp.10049-10053.

Zacharaki et al, (2009) : Zacharaki, E.I., Wang, S., Chawla, S., Dong Jin Yoo, Wolf, R.L, Melhem, E.R. and Christos Davatzikos (2009). MRI-based classification of brain tumor type and grade using SVM-RFE.